

RECEPTOR PROTEIN SPECIFICALLY RECOGNIZING BACTERIAL DNA

Patent number: JP2002034565 (A)

Publication date: 2002-02-05

Inventor(s): ARIRA SHIZUO; HENMI HIROAKI +

Applicant(s): JAPAN SCIENCE & TECH CORP +

Classification:

- international: A61K38/00; A61K 45/00; A61P31/04; A61P35/00;
 A61P37/08; C07K14/005; C07K 14/705; C07K16/28;
 C12N1/15; C12N 1/19; C12N1/21; C12N 15/09; C12N15/12;
 C12N5/10; C12P21/08; C12Q1/68; G01N3 3/15; G01N33/50;
 G01N33/566; G01N33/577; C12R1/91; (IPC1-7): A61K38/00;
 A61K45/00; A61P31/04; A61P35/00; A61P37/08;
 C07K14/005; C07K16/28; C12N1/15; C12N1/19; C12N1/21;
 C12N15/09; C12N5/10; C12P21/08; C12P21/08; C12Q1/68;
 C12Q1/68; C12R1/91; C12R1/91; G01N33/15; G01N33/50;
 G01N33/566; G01N33/577

- european: C07K14/705

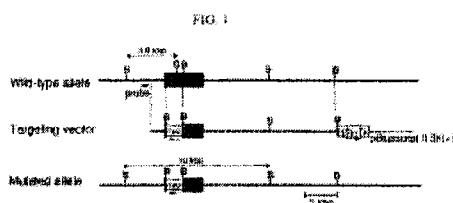
Application number: JP20000219652 20000719

Priority number(s): JP20000219652 20000719

Also published as:

EP1302541 (A1)
 EP1302541 (A4)
 EP1302541 (B1)
 US2003124655 (A1)
 US7507872 (B2)

more >>



Abstract of JP 2002034565 (A)

PROBLEM TO BE SOLVED: To provide the receptor protein that specifically recognizes bacterial DNA bearing the non-methylated CpG sequence, the gene DNA coding the same and experimental model animals that are useful for examining the response of host immunocyte to bacterial infections. SOLUTION: The DNA encoding the receptor protein that specifically recognizes the bacterial DNA bearing the non-methylated CpG sequence is screened by the BLAST search, a plurality of EST clones having high similarity to various kinds of TLS are screened and they are used as probes to isolate the full-length cDNA from the mouse macrophage cDNA library, the base sequence of the cDNA is analyzed to confirm that the TLR9 has the conserved areas such as the areas of LRR, TIR and the like. Then, the knockout mouse is established and the TLR9 is confirmed to be a receptor protein of the nucleotide including the non-methylated CpG sequence of the bacterial DNA.

Data supplied from the **espacenet** database — Worldwide

(19)日本特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開2002-34565

(P2002-34565A)

(43)公開日 平成14年2月5日 (2002.2.5)

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テーマコード*(参考)
C 12 N 15/09	Z NA	A 61 K 45/00	2 G 04 5
A 61 K 38/00		A 61 P 31/04	4 B 02 4
45/00		35/00	4 B 06 3
A 61 P 31/04		37/08	4 B 06 4
35/00		C 07 K 14/005	4 B 06 5

審査請求 未請求 請求項の数30 OL (全32頁) 最終頁に続く

(21)出願番号 特願2000-219652(P2000-219652)

(71)出願人 396020800

科学技術振興事業団

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

(22)出願日 平成12年7月19日 (2000.7.19)

(72)発明者 審良 静男

大阪府高槻市辻子1丁目7-16

(72)発明者 辻見 弘明

大阪府茨木市北春日丘4-11-47-112

(74)代理人 10010/984

弁理士 廣田 雅紀

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質

(57)【要約】

【課題】 非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質や、それをコードする遺伝子DNAや、細菌性伝染病に対する宿主免疫細胞の応答性を調べる上で有用な実験モデル動物を提供すること。

【解決手段】 非メチル化C p G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAを、BLASTサーチによりスクリーニングし、各種TLRと高い相似性を有する多くのESTクローンをスクリーニングし、これらをプローブにしてマウスマクロファージcDNAライブラリーから完全長cDNAを単離し、cDNAの塩基配列を解析してLRR及びTIR領域などの保存領域が存在するTLR9であることを確認した後、ノックアウトマウスを作製し、TLR9が細菌DNAの非メチル化C p G配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体タンパク質であることを確認した。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA。

【請求項2】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の(a)又は(b)のタンパク質であることを特徴とする請求項1記載のDNA。

(a)配列番号2に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(b)配列番号2に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質

【請求項3】 配列番号1に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項1記載のDNA。

【請求項4】 請求項3記載の遺伝子を構成するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項1記載のDNA。

【請求項5】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の(a)又は(b)のタンパク質であることを特徴とする請求項1記載のDNA。

(a)配列番号4に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質

(b)配列番号4に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質

【請求項6】 配列番号3に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項1記載のDNA。

【請求項7】 請求項6記載の遺伝子を構成するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項1記載のDNA。

【請求項8】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質。

【請求項9】 配列番号2に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質。

【請求項10】 配列番号2に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質。

【請求項11】 配列番号4に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質。

【請求項12】 配列番号4に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質。

【請求項13】 請求項8～12のいずれか記載のタンパク質と、マーカーランタンパク質及び/又はペプチドタグとを結合させた融合タンパク質。

【請求項14】 請求項8～12のいずれか記載のタンパク質と特異的に結合する抗体。

【請求項15】 抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項14記載の抗体。

【請求項16】 請求項8～12のいずれか記載のタンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞。

【請求項17】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現することを特徴とする非ヒト動物。

【請求項18】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したことを特徴とする非ヒト動物。

【請求項19】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不反応性であることを特徴とする請求項18記載の非ヒト動物。

【請求項20】 齧歯目動物が、マウスであることを特徴とする請求項17～19のいずれか記載の非ヒト動物。

【請求項21】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、請求項1～7のいずれか記載のDNAを導入することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質を発現する細胞の調製方法。

【請求項22】 請求項21記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞の調製方法により得られることを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞。

【請求項23】 被検物質の存在下、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、TLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

【請求項24】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

【請求項25】 非メチル化CpG配列を有する細菌D

NAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

【請求項26】 非ヒト動物が、マウスであることを特徴とする請求項24又は25記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法。

【請求項27】 請求項23～26のいずれか記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法により得られる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニスト。

【請求項28】 非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の全部又はその一部を有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項29】 請求項27記載のアゴニスト又はアンタゴニストを有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項30】 検体中の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAと、請求項3記載のDNAとの塩基配列を比較することができる、請求項3記載のDNAを含むことを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病的診断キット。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質、該受容体タンパク質の遺伝子及びそれらの利用に関する。

【0002】

【従来の技術】 トール (TLR11) 遺伝子は、ショウジョウウバエの胚発生中の背腹軸の決定 (Cell 52, 269-279, 1988, Annu. Rev. Cell Dev. Biol. 12, 393-416, 1996)、また成体における抗真菌性免疫応答に必要であることが知られている (Cell 86, 973-983, 1996)。かかるTLR11は、細胞外領域にロイシンリッチリピート (LRR) を有するI型膜貫通受容体であり、この細胞質内領域は、哺乳類インターロイキン-1受容体 (IL-1R) の細胞質内領域と相同性が高いことが明らかとなっている (Nature 351, 355-356, 1991, Annu. Rev. Cell Dev. Biol. 12, 393-416, 1996, J. Leukoc. Biol. 63, 650-657, 1998)。

【0003】 近年、TLR11様受容体 (TLR) と呼ばれるTLR11の哺乳類のホモログが同定され、TLR2やTLR4など現在までに6つのファミリーが報告されている (Nature 388, 394-397, 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 588-593, 1998, Blood 91, 4020-4027, 1998, Gene 231, 59-65, 1999)。このTLRファミリーは、上記IL-1Rと同様にアダプタータンパク質であるMyD88を介し、IL-1R結合キナーゼ (IRAK) をリクルートし、TRAF6を活性化し、下流のNF- κ Bを活性化することが知られている (J. Exp. Med. 187, 2097-2101, 1998, Mol. Cell 2, 253-258, 1998, Immunity 11, 115-122, 1999)。また、哺乳類におけるTLRファミリーの役割は、細菌の共通構造を認識するパターン認識受容体 (PRR: pattern recognition receptor) として、先天的な免疫認識に関わっているとも考えられている (Cell 91, 295-298, 1997)。

【0004】 上記PRRにより認識される病原体会合分子パターン (PAMP: pathogen-associated molecular pattern) の一つは、グラム陰性菌の外膜の主成分であるリボ多糖 (LPS) であって (Cell 91, 295-298, 1997)、かかるLPSが宿主細胞を刺激して宿主細胞にTNF α 、IL-1及びIL-6等の各種炎症性サイトカインを産生させること (Adv. Immunol. 28, 293-450, 1979, Annu. Rev. Immunol. 13, 437-457, 1995) や、LPS結合タンパク質 (LBP: LPS-bindingprotein) により捕獲されたLPSが細胞表面上のCD14に引き渡されることが知られている (Science 249, 1431-1433, 1990, Annu. Rev. Immunol. 13, 437-457, 1995)。本発明者らは、TLR4のノックアウトマウスを作製し、TLR4ノックアウトマウスが上記グラム陰性菌の外膜の主成分であるLPSに不応答性であること (J. Immunol. 162, 3749-3752, 1999) や、TLR2ノックアウトマウスを作製し、TLR2ノックアウトマウスのマクロファージがグラム陽性菌細胞壁やその構成成分であるペプチドグリカンに対する反応性が低下すること (Immunity, 11, 443-451, 1999) を報告している。

【0005】 他方、細菌DNA (バクテリア由来DNA) や非メチル化CpG配列を含むオリゴヌクレオチドが、マウス及びヒトの免疫細胞を刺激すること (Trends Microbiol. 4, 73-76, 1996, Trends Microbiol. 6, 496-500, 1998) や、IL-1 β 及びIFN γ の放出に支配されるTヘルパー1細胞 (Th1) 様炎症性応答を刺激すること (EMBO J. 18, 6973-6982, 1999, J. Immunol. 161, 3042-3049, 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 9305-9310, 1999) から、CpG配列を含むオリゴヌクレオチドは、癌、アレルギー及び伝染病のワクチンを含むワクチン戦略のアジュバントとしての使用可能性が提唱されている (Adv. Immunol. 73, 329-368, 1999, Current Opin. Immunol. 12, 35-43, 2000, Immunity 11, 1

23-129, 1999) このように臨床実用において効果が期待されるにも関わらず、非メチル化CpG配列を含む細菌DNAが免疫細胞を活性化する分子メカニズムはよくわかつっていない。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】上記のように、メチル化されていないCpGモチーフを含有するバクテリア由来DNAは免疫細胞を非常に活性化し、Th1の応答を誘導するが、その分子レベルでの活動はあまり理解されていない。本発明の課題は、細菌DNAの非メチル化CpG配列を含むオリゴヌクレオチドの分子レベルでの作用を明らかにすることができる、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識するTLRファミリーのメンバー受容体タンパク質TLR9や、それをコードするDNAや、細菌性伝染病に対する宿主免疫細胞の応答性を調べる上で有用な実験モデル動物を提供することにある。

【0007】

【課題を解決するための手段】細菌の共通構造を認識するパターン認識受容体として、先天的な免疫認識に関わっている哺乳類におけるTLRファミリーは、現在までに6つのメンバー(TLR1-6)が公表されており(Nature 388, 394-397, 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95, 588-593, 1998, Gene 231, 59-65, 1999)、TLR7及びTLR8の新たな2つのメンバーがGenBankに登録されている(登録番号AF240467及びAF246971)。また、TLR9についても完全長cDNAが見い出されGenBankに登録されている(登録番号AF245704)が、その機能については知られていなかった。

【0008】本発明者らは、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識するTLRファミリーのメンバー受容体タンパク質をコードするDNAを、BLASTサーチによりスクリーニングし、既に同定されている各種TLRと高い相似性を有する多くのシークエンス・タグ(EST)クローンをスクリーニングし、これらの遺伝子フラグメントをプローブにしてマウスマクロファージcDNAライブラリーから完全な長さを有するcDNAを単離し、これを用いてヒトcDNAも単離した。次に、これらcDNAの塩基配列を解析し、このTLRファミリーにLRR及びTIR領域などの保存領域が存在するTLR9であることを確認した。そこでこのTLR9ノックアウトマウスを作製し、TLR9が細菌DNAの非メチル化CpG配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体タンパク質であることを明らかにし、本発明を完成するに至った。

【0009】すなわち本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA(請求項1)や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タ

ンパク質が、以下の(a)又は(b)のタンパク質であることを特徴とする請求項1記載のDNA(a)配列番号2に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質(b)配列番号2に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質(請求項2)や、配列番号1に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項1記載のDNA(請求項3)や、請求項3記載の遺伝子を構成するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項1記載のDNA(請求項4)や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質が、以下の(a)又は(b)のタンパク質であることを特徴とする請求項1記載のDNA(a)配列番号4に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質(b)配列番号4に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質(請求項5)や、配列番号3に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部または全部を含むことを特徴とする請求項1記載のDNA(請求項6)や、請求項6記載の遺伝子を構成するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることを特徴とする請求項1記載のDNA(請求項7)に関する。

【0010】また本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質(請求項8)や、配列番号2に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質(請求項9)や、配列番号2に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質(請求項10)や、配列番号4に示されるアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質(請求項11)や、配列番号4に示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなることを特徴とする請求項8記載のタンパク質(請求項12)に関する。

【0011】また本発明は、請求項8~12のいずれか記載のタンパク質と、マーカータンパク質及び/又はペプチドタグとを結合させた融合タンパク質(請求項13)や、請求項8~12のいずれか記載のタンパク質と特異的に結合する抗体(請求項14)や、抗体がモノクローナル抗体であることを特徴とする請求項14記載の抗体(請求項15)や、請求項8~12のいずれか記載のタンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞(請求項16)に関する。

【0012】また本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現することを特徴とする非ヒト動物（請求項17）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したことを特徴とする非ヒト動物（請求項18）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不反応性であることを特徴とする請求項18記載の非ヒト動物（請求項19）や、齧歯目動物が、マウスであることを特徴とする請求項17～19のいずれか記載の非ヒト動物（請求項20）に関する。

【0013】また本発明は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、請求項1～7のいずれか記載のDNAを導入することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質を発現する細胞の調製方法（請求項21）や、請求項21記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞の調製方法により得られることを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞（請求項22）に関する。

【0014】また本発明は、被検物質の存在下、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、TLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項23）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項24）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞のTLR9活性を測定・評価することを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項25）や、非ヒト動物が、マウスであることを特徴とする請求項24又は25記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法（請求項26）に関する。

【0015】また本発明は、請求項23～26のいずれか記載の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法により得られる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニスト（請求項27）や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の全部又はその一部を有効成分として含有する医薬組成物（請求項28）や、請求項27記載のアゴニスト又はアンタゴニストを有効成分として含有する医薬組成物（請求項29）や、検体中の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAと、請求項3記載のDNAとの塩基配列を比較することができる、請求項3記載のDNAを含むことを特徴とする非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾病的診断キット（請求項30）に関する。

【0016】

【発明の実施の形態】本発明における非メチル化CpG配列を有する細菌DNAとしては、T細胞、B細胞、抗原提示細胞等の免疫細胞を活性化し、免疫応答を誘導することができる、メチル化されていないCpGモチーフを有するオリゴデオキシヌクレオチド（ODN）等のバクテリアに由来するDNAであればどのようなものでもよく、エセリシア・コリ、クレブシェラ・ニューモニエ、シュードモナス・アエルギノサ、サルモネラ・チフィムリウム、セラチア・マルセッセンス、フレクスナー赤痢菌、ビブリオ・コレレ、サルモネラ・ミネソタ、ポルフィロモナス・ジンジバリス、スタフィロコッカス・アウレウス、コリネバクテリウム・ジフテリア、ノカルジア・コエリアカ、ストレプトコッカス・ニューモニアなどのバクテリア由来のDNAを具体的に挙げることができる。

【0017】かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質としては、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識することができるタンパク質であれば特に制限されるものではなく、例えば、配列表の配列番号2で示されるヒト由来のTLR9や、配列番号2で示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識することができるタンパク質や、これらの組換えタンパク質を具体的に挙げることができる。かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質は、そのDNA配列情報等に基づき公知の方法で調製することができる。

【0018】また、本発明の非メチル化CpG配列を有

する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAとしては、配列表の配列番号2で示されるヒト由来のTLR9をコードするDNA、例えば配列番号1で示されるものや、配列番号2で示されるアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識することができるタンパク質をコードするDNAや、これらDNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識することができるタンパク質をコードするDNAも含まれ、これらはそのDNA配列情報等に基づき、例えばマウス由来のTLR9においてはマウスRAW264.7cDNAライブラリーや129/SvJマウス遺伝子ライブラリーなどから公知の方法により調製することができる。

【0019】また、配列番号1に示される塩基配列又はその相補的配列並びにこれらの配列の一部又は全部をプローブとして、マウス由来のDNAライブラリーに対してストリンジエントな条件下でハイブリダイゼーションを行ない、該プローブにハイブリダイズするDNAを単離することにより、受容体タンパク質TLR9と同効目的とする免疫誘導非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAを得ることもできる。かかるDNAを取得するためのハイブリダイゼーションの条件としては、例えば、42°Cでのハイブリダイゼーション、及び1×SSC、0.1%のSDSを含む緩衝液による42°Cでの洗浄処理を挙げることができ、65°Cでのハイブリダイゼーション、及び0.1×SSC、0.1%のSDSを含む緩衝液による65°Cでの洗浄処理をより好ましく挙げることができる。なお、ハイブリダイゼーションのストリンジエンシーに影響を与える要素としては、上記温度条件以外に種々の要素があり、当業者であれば、種々の要素を適宜組み合わせて、上記例示したハイブリダイゼーションのストリンジエンシーと同等のストリンジエンシーを実現することができる。

【0020】本発明の融合タンパク質とは、マウス、ヒト等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に、マーカータンパク質及び/又はペプチドタグを結合させたものをいい、マーカータンパク質としては、従来知られているマーカータンパク質であればどのようなものでもよく、例えば、アルカリフィオスファターゼ、抗体のFc領域、HRP、GFPなどを具体的に挙げることができ、また本発明におけるペプチドタグとしては、Mycタグ、Hisタグ、FLAGタグ、GSTタグなどの従来知られているペプチドタグを具体的に例示することができる。かかる融合タンパク質は、常法により作製することができ、N-NTAとHisタグの親和性を利用した非メチル化Cp

G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の精製や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の検出や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体の定量や、その他当該分野の研究用試薬としても有用である。

【0021】本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体としては、モノクローナル抗体、ポリクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体、ヒト化抗体等の免疫特異的な抗体を具体的に挙げることができ、これらは上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を抗原として用いて常法により作製することができるが、その中でもモノクローナル抗体がその特異性の点でより好ましい。かかるモノクローナル抗体等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体は、例えば、TLR9の変異又は欠失に起因する疾病的診断やTLR9の制御分子機構を明らかにする上で有用である。

【0022】非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体は、慣用のプロトコールを用いて、動物(好ましくはヒト以外)に該非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質若しくはエピトープを含む断片、又は該タンパク質を膜表面に発現した細胞を投与することにより産生され、例えばモノクローナル抗体の調製には、連続細胞系の培養物により産生される抗体をもたらす、ハイブリドーマ法(Nature 256, 495-497, 1975)、トリオーマ法、ヒトB細胞ハイブリドーマ法(Immunology Today 4, 72, 1983)及びEBV-ハイブリドーマ法(MONOClonal ANTIBODIES AND CANCER THE RAPY, pp.77-96, Alan R.Liss, Inc., 1985)など任意の方法を用いることができる。以下に非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質として、マウス由来のTLR9を例に挙げてマウス由来のTLR9に対して特異的に結合するモノクローナル抗体、すなわち抗mTLR9モノクローナル抗体の作製方法を説明する。

【0023】上記抗mTLR9モノクローナル抗体は、抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマをインビポ又はインビトロで常法により培養することにより生産することができる。例えば、インビポ系においては、齧歯動物、好ましくはマウス又はラットの腹腔内で培養することにより、またインビトロ系においては、動物細胞培養用培地で培養することにより得ることができる。インビトロ系でハイブリドーマを培養するための培地としては、ストレプトマイシンやペニシリン等の抗生素質を含むRPMI1640又はMEM等の細胞培養培地を例示することができる。

【0024】抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマは、例えば、マウス等から得られた受容体タンパク質TLR9を用いてBALB/cマウスを免疫し、免疫されたマウスの脾臓細胞とマウスNS-1細胞(ATCC TIB-18)とを、常法により細胞融合させ、免疫蛍光染色パターンによりスクリーニングすることにより、抗mTLR9モノクローナル抗体産生ハイブリドーマを作出することができる。また、かかるモノクローナル抗体の分離・精製方法としては、タンパク質の精製に一般的に用いられる方法であればどのような方法でもよく、アフィニティクロマトグラフィー等の液体クロマトグラフィーを具体的に例示することができる。

【0025】また、本発明の上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する一本鎖抗体をつくるためには、一本鎖抗体の調製法(米国特許第4,946,778号)を適用することができる。また、ヒト化抗体を発現させるために、トランジエニックマウス又は他の哺乳動物等を利用したり、上記抗体を用いて、その非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現するクローンを単離・同定したり、アフィニティクロマトグラフィーでそのポリペプチドを精製することもできる。非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の分子機構を明らかにする上で有用である。

【0026】また上記抗mTLR9モノクローナル抗体等の抗体に、例えば、FITC(フルオレセインイソシアネート)又はテトラメチルローダミンイソシアネート等の蛍光物質や、¹²⁵I、³²P、³⁵S又は³H等のラジオアイソトープや、アルカリホスファターゼ、ペルオキシダーゼ、β-ガラクトシダーゼ又はフィコエリトリン等の酵素で標識したものや、グリーン蛍光タンパク質(GFP)等の蛍光発光タンパク質などを融合させた融合タンパク質を用いることによって、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の機能解析を行うことができる。また免疫学的測定方法としては、RIA法、ELISA法、蛍光抗体法、ブラーク法、スポット法、血球凝集反応法、オクタロニー法等の方法を挙げることができる。

【0027】本発明はまた、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞に関する。かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の宿主細胞への導入は、Davisら(BASIC METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY, 1986)及びSambrookら(MOLECULAR CLONING: A LABORATORY MANUAL, 2nd Ed., Cold S

pring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989)などの多くの標準的な実験室マニュアルに記載される方法、例えば、リン酸カルシウムトランスフェクション、DEAE-デキストラン媒介トランスフェクション、トランスペクション(transvection)、マイクロインジェクション、カチオン性脂質媒介トランスフェクション、エレクトロポレーション、形質導入、スクラープローディング(scrape loading)、弾丸導入(ballistic introduction)、感染等により行うことができる。そして、宿主細胞としては、大腸菌、ストレプトミセス、枯草菌、ストレプトコッカス、スタフィロコッカス等の細菌原核細胞や、酵母、アスペルギルス等の真菌細胞や、ドロソフィラS2、スピドブテラSf9等の昆虫細胞や、L細胞、CHO細胞、COS細胞、HeLa細胞、C127細胞、BALB/c3T3細胞(ジヒドロ葉酸レダクターゼやチミジンキナーゼなどを欠損した変異株を含む)、BHK21細胞、HEK293細胞、Bowesメラノーマ細胞、卵母細胞等の動植物細胞などを挙げることができる。

【0028】また、発現系としては、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を宿主細胞内で発現させることができる発現系であればどのようなものでもよく、染色体、エピソーム及びウイルスに由来する発現系、例えば、細菌プラスミド由来、酵母プラスミド由来、SV40のようなババウイルス、ワクシニアウイルス、アデノウイルス、鶏痘ウイルス、仮性狂犬病ウイルス、レトロウイルス由来のベクター、バクテリオファージ由来、トランスポゾン由来及びこれらの組合せに由来するベクター、例えば、コスミドやファージミドのようなプラスミドとバクテリオファージの遺伝的要素に由来するものを挙げができる。これら発現系は、発現を起こさせるだけでなく、発現を調節する制御配列を含んでいてもよい。

【0029】上記発現系を含んでなる宿主細胞やかかる細胞の細胞膜、またかかる細胞を培養して得られる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質は、後述するように本発明のスクリーニング方法に用いることができる。例えば、細胞膜を得る方法としては、F. Pietri-Rouxel (Eur. J. Biochem., 247, 1174-1179, 1997)らの方法などを用いることができ、また、かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を細胞培養物から回収し精製するには、硫酸アンモニウムまたはエタノール沈殿、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィー、ホスホセルロースクロマトグラフィー、疎水性相互作用クロマトグラフィー、アフィニティクロマトグラフィー、ハイドロキシアパタイトクロマトグラフィーおよびレクチンクロマトグラフィーを含めた公知の方法、好ましくは、高速液体クロマトグラフィーが用いられる。特に、アフィニティクロマトグラ

フィーに用いるカラムとしては、例えば、抗TLR9モノクローナル抗体等の抗非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質抗体を結合させたカラムや、上記TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に通常のペプチドタグを付加した場合は、このペプチドタグに親和性のある物質を結合したカラムを用いることにより、これらの非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を得ることができる。

【0030】本発明において、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現する非ヒト動物とは、野生型非ヒト動物に比べてかかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を大量に産生する非ヒト動物をいい、また、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物とは、染色体上の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の一部若しくは全部が破壊・欠損・置換等の遺伝子変異により不活性化され、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する機能を失なった非ヒト動物をいう。そして、本発明における非ヒト動物としては、ウサギや、マウス、ラット等の齧歯目動物などの非ヒト動物を具体的に挙げることができるが、これらに限定されるものではない。

【0031】また、本発明において非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不反応性とは、細菌DNAによる刺激に対する生体又は生体を構成する細胞、組織若しくは器官の反応性が低下しているか、あるいはほぼ失われていることを意味する。したがって、本発明において非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不反応性の非ヒト動物とは、細菌DNAによる刺激に対して、生体又は生体を構成する細胞、組織若しくは器官の反応性が低下しているか、あるいはほぼ失われているマウス、ラット、ウサギ等のヒト以外の動物をいう。また、細菌DNAによる刺激としては、細菌DNAを生体に投与するインビポでの刺激や、生体から分離された細胞に細菌DNAを接触させるインビトロでの刺激等を挙げることができ、具体的には、TLR9ノックアウトマウス等のTLR9遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物を挙げができる。

【0032】ところで、メンデルの法則に従い出生していくホモ接合体非ヒト動物には、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質欠損型又は過剰発現型とその同腹の野生型とが含まれ、これらホモ接合体非ヒト動物における欠損型又は過剰発現型とその同腹の野生型を同時に用いることによつ

て個体レベルで正確な比較実験をすることができることから、野生型の非ヒト動物、すなわち非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損又は過剰発現する非ヒト動物と同種の動物、さらには同腹の動物を、例えば下記に記載する本発明のスクリーニングに際して併用することが好ましい。かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損又は過剰発現する非ヒト動物の作製方法を、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のノックアウトマウスやトランスジェニックマウスを例にとって以下説明する。

【0033】例えば、TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損したマウス、すなわち非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質ノックアウトマウスは、マウス遺伝子ライブラリーからPCR等の方法により得られた遺伝子断片を用いて、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をスクリーニングし、スクリーニングされた非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をウイルスベクター等を用いてサブクローンし、DNAシーケンシングにより特定する。このクローンの非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の全部又は一部をpMC1ネオ遺伝子カセット等に置換し、3'末端側にジフテリアトキシンAフラグメント(DT-A)遺伝子や単純ヘルペスウイルスのチミジンキナーゼ(HSV-tk)遺伝子等の遺伝子を導入することによって、ターゲットベクターを作製する。

【0034】この作製されたターゲティングベクターを線状化し、エレクトロポレーション(電気穿孔)法等によってES細胞に導入し、相同的組換えを行い、その相同的組換え体の中から、G418やガンシクロビア(GANC)等の抗生物質により相同的組換えを起こしたES細胞を選択する。また、この選択されたES細胞が目的とする組換え体かどうかをサザンプロット法等により確認することが好ましい。その確認されたES細胞のクローンをマウスの胚盤胞中にマイクロインジェクションし、かかる胚盤胞を仮親のマウスに戻し、キメラマウスを作製する。このキメラマウスを野生型のマウスとインターフロスさせると、ヘテロ接合体マウスを得ることができ、また、このヘテロ接合体マウスをインターフロスさせることによって、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質ノックアウトマウスを作製することができる。また、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識

する受容体タンパク質ノックアウトマウスが生起しているかどうかを確認する方法としては、例えば、上記の方法により得られたマウスからRNAを単離してノーザンプロット法等により調べたり、またこのマウスの発現をウエスタンプロット法等により調べる方法がある。

【0035】また、作出されたTLR9ノックアウトマウスが非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して不応答性であることは、例えば、CpG-ODNをTLR9ノックアウトマウスのマクロファージ、単核細胞、樹状細胞などの免疫細胞にインビトロ又はインビボで接触せしめ、かかる細胞におけるTNF- α 、IL-6、IL-12、IFN- γ 等の産生量や、脾臓B細胞の増殖応答や、脾臓B細胞表面でのCD40、CD80、CD86、MHCクラスII等の抗原の発現量や、NF- κ B、JNK、IRAK等のTLR9のシグナル伝達経路における分子の活性化を測定することにより確認することができる。そして、本発明のTLR9ノックアウトマウスは、非メチル化CpG配列を有する細菌DNA等の作用機序の解明や細菌感染に対するワクチン開発に有用なモデルとすることができる。

【0036】非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のトランスジェニックマウスは、TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするcDNAにチキン β -アクチン、マウスニューロフィラメント、SV40等のプロモーター、及びラビット β -グロビン、SV40等のポリA又はイントロンを融合させて導入遺伝子を構築し、該導入遺伝子をマウス受精卵の前核にマイクロインジェクションし、得られた卵細胞を培養した後、仮親のマウスの輸卵管に移植し、その後被移植動物を飼育し、産まれた仔マウスから前記cDNAを有する仔マウスを選択することによりかかるトランスジェニックマウスを創製することができる。また、cDNAを有する仔マウスの選択は、マウスの尻尾等より粗DNAを抽出し、導入した非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子をプローブとするドットハイブリダイゼーション法や、特異的プライマーを用いたPCR法等により行うことができる。

【0037】また、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAの全部あるいは一部を用いると、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の欠失又は異常に起因する疾病等の遺伝子治療に有効な細胞を調製することができる。本発明におけるこれら細胞の調製方法としては、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した細胞に、上記本発明のDNAの全部あるいは一部をトランスフェクション等により導入し、非メチル化Cp

G配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞を得る方法を挙げることができ、特に、かかる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞としては、上記DNA等が染色体にインテグレートされ、ステイブルにTLR9活性を示す細胞を用いることが好ましい。

【0038】そしてまた、上記非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質とマーカータンパク質及び/又はペプチドタグとを結合させた融合非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に対する抗体、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現することができる発現系を含んでなる宿主細胞、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現する非ヒト動物、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞等を用いると、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストや、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対する反応性の抑制物質又は促進物質をスクリーニングすることができる。これらのスクリーニングにより得られたものは、細菌感染症に対する抑制物質又は促進物質や、アレルギー性疾患若しくは癌に対する抑制剤、予防剤又は治療薬や、遺伝子治療等において副作用を抑制剤又は阻害剤や、TLR9活性の欠失又は異常に起因する疾病等の診断・治療に有用な物質である可能性がある。

【0039】上記TLR9活性とは、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAと特異的に反応し、細胞内にシグナルを伝達する機能をいい、シグナル伝達機能としては、TNF- α 、IL-6、IL-12、IFN- γ 等のサイトカインを産生する機能や、亜硝酸イオンを産生する機能や、細胞を増殖する機能や、細胞表面においてCD40、CD80、CD86、MHCクラスII等の抗原を発現する機能や、NF- κ B、JNK、IRAK等のTLR9のシグナル伝達経路における分子を活性化させる機能などを具体的に例示することができるが、これらに限定されるものではない。

【0040】本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質のアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法としては、被検物質の存在下、マクロファージ、脾臓細胞又は樹状細胞などの免疫細胞、非メチル化CpG配列を有す

る細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現している細胞、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質を発現する細胞等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質を発現している細胞をインビトロで培養し、TLR9活性を測定・評価する方法や、野生型非ヒト動物、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物、又は、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子が過剰発現した非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ、脾臓細胞、又は樹状細胞などの免疫細胞のTLR9活性を測定・評価する方法等を具体的に挙げることができる。

【0041】また、マクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価するに際し、対照として野生型非ヒト動物、特に同腹の野生型非ヒト動物の測定値と比較・評価することができるが、個体差によるバラツキをなくすことができる。このことは、以下に示す非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対する反応性の抑制物質又は促進物質のスクリーニングにおいても同様である。

【0042】また、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対する反応性の抑制物質又は促進物質のスクリーニング方法としては、被検物質と非メチル化CpG配列を有する細菌DNAとの存在下、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質、又は該タンパク質を発現している細胞膜をインビトロでインキュベーションし、該タンパク質との反応性を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞と被検物質とをあらかじめインビトロで接触せしめた後、該マクロファージ又は脾臓細胞を非メチル化CpG配列を有する細菌DNAの存在下で培養し、該マクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞と非メチル化CpG配列を有する細菌DNAとをあらかじめインビトロで接触せしめた後、該マクロファージ又は脾臓細胞を被検物質の存在下で培養し、該マクロファージ活性又は脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物にあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物から得られるマクロ

ファージ又は脾臓細胞を非メチル化CpG配列を有する細菌DNAの存在下で培養し、該マクロファージ活性又は脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物にあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物を細胞により感染させ、該非ヒト動物から得られるマクロファージ活性又は脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物から得られるマクロファージ又は脾臓細胞を被検物質の存在下で培養し、該マクロファージ活性又は脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物から得られるマクロファージ活性又は脾臓細胞のマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ被検物質を投与した後、該非ヒト動物を細菌により感染させ、該非ヒト動物におけるマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法や、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対して反応性を有するタンパク質をコードする遺伝子機能が染色体上で欠損した非ヒト動物をあらかじめ細菌により感染させた後、該非ヒト動物に被検物質を投与し、該非ヒト動物におけるマクロファージ活性又は脾臓細胞活性の程度を測定・評価する方法などを具体的に挙げることができる。また、これらのスクリーニング方法に用いる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAとしては、CpG-ODN (TCC-ATG-ACG-TTC-CTG-ATG-CT : 配列番号5) を用いることが好ましいが、これに限定されるものではない。

【0043】本発明はまた、検体中の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列を、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列と比較することからなる、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾病的診断に用いられる診断キットに関する。非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAの変異型の検出は、遺伝子に変異がある個体をDNAレベルで見い出す

ことにより行うことができ、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の過少発現、過剰発現又は変異発現により生ずる疾患の診断に有効である。かかる検出に用いられる検体としては、被験者の細胞、例えば血液、尿、唾液、組織等の生検から得ることができるゲノムDNAや、RNA又はcDNAを具体的に挙げることができるがこれらに限定されるものではなく、かかる検体を使用する場合、PCR等により増幅したものを用いることもできる。そして、塩基配列の欠失や挿入変異は、正常な遺伝子型と比較したときの増幅産物のサイズの変化により検出でき、また点突然変異は増幅DNAを標識非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子とハイブリダイズさせることで同定することができる。このように、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードする遺伝子の変異を検出することで、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾患の診断又は判定をすることができる。

【0044】本発明はまた、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA又はRNAのアンチセンス鎖の全部又は一部からなる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾患の診断用プローブ、及び当該プローブ及び／又は本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体を含有してなる非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質の活性又は発現と関連する疾患の診断キットに関する。前記診断用プローブとしては、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA(cDNA)又はRNA(cRNA)のアンチセンス鎖の全部又は一部であり、プローブとして成立する程度の長さ(少なくとも20ベース以上)を有するものであれば特に制限されるものではない。かかるプローブ及び／又は本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質に特異的に結合する抗体を細菌感染症等のような症状の疾患の診断薬の有効成分とするためには、プローブが分解されないような適当なバッファー類や滅菌水に溶解することが好ましい。また、これらの診断薬を用いた、免疫染色法(Dev.Biol. 170, 207-222, 1995, J. Neurobiol. 29, 1-17, 1996)や、In situハイブリダイゼーション法(J. Neurobiol. 29, 1-17, 1996)や、in situ PCR法等の方法により細菌感染症等のような症状の疾患を診断することもできる。

【0045】本発明の医薬組成物としては、TLR9等の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に

認識する受容体タンパク質の全部又はその一部や、上記受容体タンパク質のアゴニストやアンタゴニストを含むものであれば、どのようなものでもよい。具体的には、細菌感染症に対するワクチンや、癌に対するワクチンや、気管支喘息をはじめとするアレルギー疾患の治療薬や、アンチセンスオリゴヌクレオチドを用いた治療や遺伝子治療において障害となるCpGモチーフの存在による副作用の克服剤・抑制剤・阻害剤などを挙げることができる。

【0046】前記のように、本発明の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾患の診断キットとしては、TLR9をコードするDNAを含むものであればどのようなものでもよく、かかるTLR9をコードするDNAと検体中の非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNAとの塩基配列を比較することにより、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識する受容体タンパク質をコードするDNA配列の欠失、置換及び／又は付加に関連する疾患、例えば、癌、アレルギー、伝染病等の診断が可能となる。

【0047】

【実施例】以下に、実施例を挙げてこの発明を更に具体的に説明するが、この発明の技術的範囲はこれら実施例により限定されるものではない。

実施例1 (TLR9のクローニング)

ヒトTLR4のDNA配列情報を用いて、GenBankをサーチした結果、相同性がきわめて高いマウスEST(登録番号AA273731;マウス)を見い出した。このマウスESTのPCR増幅産物をプローブとして、マウスRAW264.7cDNAライブラリーをスクリーニングし、完全なTLR9オープンリーディングフレームを含む配列番号3に示される完全長のcDNAクローンを単離した。このマウスTLR9のDNA配列情報を用いてGenBankをサーチし、高い相同性を有するヒトゲノム配列を見い出した。このヒトゲノム配列に基づいて、cDNA端部を増幅しU937細胞(J. Immunol. 163, 5039-5048, 1999)から、配列番号1に示される塩基配列を有する完全長のヒトTLR9のcDNAを単離した。

【0048】実施例2 (TLR9ノックアウトマウスの作製)

129/SvJマウス遺伝子ライブラリー(ストラタジーン社製)からTLR9ゲノムDNAを単離し、pBluescript II SK(+)ベクター(ストラタジーン社製)中でサブクローンし、制限酵素マッピング及びDNA配列決定により特定した。ターゲッティングベクターは、LRR(ロイシンリッチリピート)領域の一部分をコードする1.0kbのフラグメントを、ネオマイシン耐性遺伝子

カセット(pMC1-neo; ストラタジーン社製)に置換し、負の選択マーカーとして単純ヘルペスウィルスチミジンキナーゼ(HSV-TK)を挿入することにより構築した(図1)。このターゲッティングベクターを線状化し、胎生14.1日目の胚幹細胞(ES細胞)にエレクトロレーションし、G418及びガンシクロビアに抵抗性を示す292個のクローンを選択し、PCR法及びザンプロット法により14個のクローンをスクリーニングした。

【0049】突然変異TLR9対立遺伝子を含有していた3個の標的ESクローンを、C57BL/6マウスの胚盤胞中にマイクロインジェクションしキメラマウスを作製した。この雄のキメラマウスをC57BL/6雌マウスと交配させ、ヘテロ接合体F1マウスを作製し、かかるヘテロ接合体F1マウスをインタークロスすることによってホモ接合体マウス(TLR9ノックアウトマウス: TLR9^{-/-})を得た(図2)。なお、ホモ接合体マウスの確認は、マウスの尾から抽出した各ゲノムDNAをScal Iでダイジェストし、図1に示すプローブを用いたザンプロット法により行った。本発明のTLR9ノックアウトマウス(TLR9^{-/-})はメンデルの法則に従い作製することができ、12週目までは顕著な異常を示さなかった。

【0050】突然変異によりTLR9遺伝子の不活性化が生起していることを確認するため、野生型マウス(+/+)及びTLR9ノックアウトマウス(-/-)の脾臓細胞から抽出した全RNA(10μg)を電気泳動にかけナイロン膜に移して、[³²P]で標識したTLR9のC-末端フラグメント若しくはN-末端フラグメント、又はβ-アクチン(β-actin)に特異的なcDNAを用いてノーザンプロット分析を行った(図3)。これらの結果から、TLR9 mRNAのN-末端フラグメントはTLR9ノックアウトマウスの脾臓細胞からは検出されなかった。また、C-末端フラグメントをプローブとした場合、変異マウス由来のTLR9の転写は野生型マウス由来のものとほぼ同じサイズのものが検出されたが、生産量においては少ないことがわかった。そこで、変異マウスから得られた脾臓細胞のmRNAを用いてRT-PCR法を行い、得られた生成物の配列分析を行った。この結果、転写されたTLR9遺伝子にはneo遺伝子が含まれており、このneoの挿入によってTLR9のN-末端部位にストップコドンが出現し変異マウスにおいて機能的なTLR9タンパク質が発現しないことがわかった(図4)。なお、TLR9ノックアウトマウスのリンパ細胞をフローサイトメトリーで測定した結果、異常成分は見られなかった。

【0051】実施例3(腹腔マクロファージの調製)
野生型マウス(wild-type)及びTLR9ノックアウトマウス(TLR9^{-/-})のそれぞれの腹腔内に4%のチオグリコール酸培地(DIFCO社製)を2m

lずつ注入し、3日後に各マウスの腹腔内から腹膜滲出細胞を単離し、これらの細胞を10%のウシ胎仔血清(GIBCO社製)を添加したRPMI1640培地(GIBCO社製)中で37°Cにて2時間培養し、氷温のハンクス緩衝液(Hank's buffered salt solution: HBSS; GIBCO社製)で洗浄することにより非付着細胞を取り除き、付着細胞を腹膜マクロファージとして以下の実験に使用した。

【0052】実施例4(TLR9ノックアウトマウスの非メチル化CpG配列を有する細菌DNAに対する応答性)

最近、CpG ODN(oligodeoxynucleotide)の応答性は、TLRを介するシグナル伝達経路の中のアグリゲーションパク質であるMyD88に依存していることが明らかになった。このMyD88ノックアウトマウスはCpG ODNに対して応答しないが、TLR2ノックアウトマウスやTLR4ノックアウトマウスは正常にCpG ODNに対して応答する。これらのこととは、CpG ODNがTLR2及びTLR4以外のTLRによって認識されることを示している。そこでTLR9ノックアウトマウスのCpG ODNに対する応答性を調べてみた。まず、腹腔マクロファージにおける炎症性サイトカインの生産量を以下のように測定した。

【0053】実施例3により調製した各腹腔マクロファージをINFγ(30 unit/ml)の存在下又は非存在下において、図5に示された各種濃度のCpG ODN(0.1又は1.0μM; TIB MOLBIO社製; TCC-ATG-ACG-TTC-CTG-ATG-CT)、PGN(10μg/ml; Sigma and Fluka社製; スタフィロコッカス・アウレウス由来)、LPS(1.0μg/ml; Sigma社製; サルモネラ・ミネシタRe-595由来)といっしょに24時間培養した。培養後、培養上清中のTNFα、IL-6及びIL-12 p40の各濃度をELISA法により測定した。この結果を図5に示す。これらの結果から、野生型マウス(wild-type)のマクロファージはCpG ODNに応答してTNFα、IL-6及びIL-12を産生し、さらにINFγ及びCpG ODNで刺激すると、TNFα、IL-6及びIL-12の生産量が増加することがわかった。しかし、TLR9ノックアウトマウス(TLR9^{-/-})由来のマクロファージは、INFγの存在下でさえ、CpG ODNに対する応答において検出可能なレベルの炎症性サイトカインを産生していなかった。また、野生型マウス及びTLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージは、LPS又はPGNに対する応答によりTNFα、IL-6及びIL-12をほぼ同程度産生することがわかった(図5)。なお、それぞれの実験結果はn=3の平均値を示す。図中のN.D.は検出できなかったことを示す。

【0054】また、CpG ODN又はLPSに対する

野生型マウス (Wild-type) 及びTLR9ノックアウトマウス (TLR9^{-/-}) の脾臓細胞の応答性について調べてみた。それぞれのマウスの脾臓細胞 (1×10^5) を単離し、図6に示す各種濃度のCpG ODN又はLPSにより96ウェルプレート内で培養して脾臓細胞を刺激した。培養から40時間後に $1 \mu\text{Ci}$ の [^3H] -チミジン (デュポン社製) を添加して更に8時間培養し、 [^3H] の摂取量をシンチレーションカウンター (パッカード社製) で測定した (図6)。この結果から、野生型マウスの脾臓細胞では、CpG ODNやLPSの投与量に依存して細胞増殖反応を促進していたが、TLR9ノックアウトマウスの脾臓細胞では、いかなる濃度のCpG ODN刺激においてもCpG ODNによる細胞増殖反応は見られなかった。また、CpG ODNに応答して、野生型マウス由来のB細胞表面的主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラスIIの発現が増加した。しかし、TLR9ノックアウトマウス由来のB細胞ではCpG ODNに誘導されたMHCクラスIIの発現の増加は見られなかった。以上のことから、TLR9ノックアウトマウスのマクロファージやB細胞は、CpG ODNに対する応答性を特異的に欠如していることがわかった。

【0055】次に、CpG ODNを含有するバクテリア由来DNAは樹状細胞を潜在的に刺激し Th1細胞の発達をサポートすることが知られている (EMBO J. 18, 6973-6982, 1999, J. Immunol. 161, 3042-3049, 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 9305-9310, 1999)。そこでCpG ODN誘導サイトカインの产生と、骨髄由来の樹状細胞の表面分子のアップリギュレーションを分析した。野生型マウス (Wild-type) 又はTLR9ノックアウトマウス (TLR9^{-/-}) の骨髄細胞を、 $10\text{ng}/\text{ml}$ のマウス顆粒球マクロファージ-コロニー刺激因子 (Peprotech社製) を含む 10% のウシ胎仔血清を添加した RPMI 1640培地で培養し (J. Exp. Med. 176, 1693-1702, 1992)、培養後6日目に未成熟の樹状細胞を回収し、 $0.1\mu\text{M}$ のCpG ODN又は $0.1\mu\text{g}/\text{ml}$ のLPSの存在下若しくは非存在下において、 10% のウシ胎仔血清を添加した RPMI 1640培地中で2日間培養した。培養後、上清中の IL-12 p40 の濃度をELISA法で測定した (図7)。この結果から、野生型マウス由来の樹状細胞はCpG ODNに応答して IL-12 を產生したが、TLR9ノックアウトマウス由来の樹状細胞においては CpG ODNは IL-12 の產生を誘導しなかった。

【0056】上記 $10\text{ng}/\text{ml}$ のマウス顆粒球マクロファージ-コロニー刺激因子 (Peprotech社製) を含む 10% のウシ胎仔血清を添加した RPMI 1640培地で培養し、6日目に回収された樹状細胞を、CD40、CD80、CD86及びMHCクラスIIに対する、それ

ぞのビオチン化抗体により染色し、フィコエリトリン (phycoerythrin: PE; ファーミンジエン社製) で標識したストレプトアビシンで発展させ、これらの細胞をセルクエストソフトウェア (ベクトンディッキンソン社製) により蛍光活性化セルソーターキャリバー (FACS Calibur) で分析した (図8)。この結果から、CpG ODNで刺激すると、野生型マウス由来の樹状細胞表面においては、CD40、CD80、CD86及びMHCクラスIIの発現を促進していたが、TLR9ノックアウトマウス由来の樹状細胞表面では、CpG ODNに対する応答によりこれらの分子の発現を促進しなかった (図8)。LPSによる刺激では、野生型マウス由来の樹状細胞もTLR9ノックアウトマウス由来の樹状細胞も同様の応答がみられた。以上の結果から、TLR9はCpG ODNの細胞応答に不可欠な受容体であることがわかった。

【0057】実施例5 (TLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージのCpG ODNに対する応答によるNF- κ B、JNK及びIRAKの活性化)

TLRのシグナルは、アダプター分子である MyD88 を介してセリン/トレオニンキナーゼである IRAKを活性化し、次いで MAPキナーゼ及びNF- κ Bを活性化することが知られている (Immunity 11, 115-122, 1999)。そこでCpG ODNが、かかる細胞内シグナル伝達分子を活性化するかどうかを調べてみた。実施例3により調製した野生型マウス及びTLR9ノックアウトマウスの腹腔マクロファージ (1×10^6 cells) を、 $1.0\mu\text{M}$ のCpG ODN又は $1.0\mu\text{g}/\text{ml}$ のサルモネラ・ミネソタRe-595のLPSで図9に示された時間刺激し、各マウスのマクロファージから核蛋白質を抽出し、NF- κ BのDNA結合部位を含む特異的プローブといっしょにインキュベートし、電気泳動を行い、オートラジオグラフィーにより視覚化した (図9)。

【0058】この結果から、CpG ODNで刺激すると、野生型マウス由来のマクロファージではNF- κ BのDNA結合活性が増加するのに対し、TLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージではNF- κ BのDNA結合活性は増加しなかった。TLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージをLPSで刺激したものは、野生型マウス由来のマクロファージをLPSで刺激したものと同様のNF- κ Bの活性化が見られた。以上の結果から、CpG ODNの誘導によるNF- κ Bの活性がTLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージにおいて特異的に欠損していることがわかる。なお、図中の矢印はNF- κ Bと特異的プローブとの複合物の位置を示し、矢頭は特異的プローブのみの位置を示している。

【0059】上記と同様に図10又は図11で示された時間、CpG ODN又はLPSで刺激した野生型マウ

ス及びTLR9ノックアウトマウスのマクロファージを、溶解緩衝液（最終濃度で1.0%のトリトンX-100、137mMのNaCl、20mMのトリス-HCl、5mMのEDTA、10%のグリセロール、1mMのPMSF、20μg/mlのアブロチニン、20μg/mlのロイペプチド、1mMのNa₃VO₄及び10mMのβ-グリセロリン酸を含有する緩衝液；pH8.0）中にて溶解し、この細胞溶解物を抗JNK抗体（サンタクルス社製）又は抗IRAK抗体（林原生化学研究所株式会社製）で免疫沈降して、文献（Immunity 11, 115-122, 1999）記載のように、インビトロキナーゼアッセイを行い、GST-c-Jun溶解蛋白質（GST-c-Jun）を基質としたJNK活性及びIRAKの活性を測定した（図10, 11における上段；GST-c-Jun, Auto）。

【0060】また、上記細胞溶解物を、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分離させ、ニトロセルロース膜に移し、この膜を抗JNK抗体（サンタクルス社製）又は抗IRAK抗体（Transduction Laboratories社製）でプロットして、エンハンスド・ケミルミネッセンス装置（デュポン社製）を使用して視覚化した（図10, 11における下段；WB）。以上の結果か

ら、CpG ODNは野生型マウス由来のマクロファージのJNK及びIRAKを活性化するが、TLR9ノックアウトマウス由来のマクロファージでは全く活性化しないことがわかった（図10, 11）。したがって、CpG ODNを介する情報伝達はTLR9に依存していることがわかった。

【0061】

【発明の効果】メチル化されていないCpGモチーフを含有するバクテリア由来DNAは免疫細胞を非常に活性化し、Th1の応答を誘導するが、そのバクテリア由来DNAを認識する受容体は知られていなかった。本発明により、細菌DNAの非メチル化CpG配列を含むオリゴヌクレオチドの受容体が明らかとなったことから、非メチル化CpG配列を有する細菌DNAを特異的に認識するTLRファミリーのメンバー受容体タンパク質TLR9や、それをコードする遺伝子DNA等は、細菌性疾病等の診断や、治療に用いることができ、またTLR9ノックアウト動物を用いると、バクテリア由来DNAの分子レベルにおける作用機作を明らかにすることが可能となる。

【0062】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION
 <120> Specific receptor that recognizes bacterial DNA
 <130> A031P63
 <140>
 <141>
 <160> 5
 <170> PatentIn Ver. 2.1
 <210> 1
 <211> 3257
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (107)..(3205)
 <400> 1
 ccgctgctgc ccctgtggaa agggacacctg agtgtgaagc atcccccct gtagctgtg 60
 tccagtctgc ccggccagacc ctctggagaa gcccctgcccc cccagc atg ggt ttc 115
 Met Gly Phe
 1
 tgc cgc agc gcc ctg cac ccg ctg tct ctc ctg gtg cag gcc atc atg 163
 Cys Arg Ser Ala Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln Ala Ile Met
 5 10 15
 ctg gcc atg acc ctg gcc ctg ggt acc ttg cct gcc ttc cta ccc tgt 211
 Leu Ala Met Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe Leu Pro Cys
 20 25 30 35
 gag ctc cag ccc cac ggc ctg gtg aac tgc aac tgg ctg ttc ctg aag 259
 Glu Leu Gln Pro His Gly Leu Val Asn Cys Asn Trp Leu Phe Leu Lys

40	45	50	
tct gtg ccc cac ttc tcc atg gca gca ccc cgt ggc aat gtc acc agc			307
Ser Val Pro His Phe Ser Met Ala Ala Pro Arg Gly Asn Val Thr Ser			
55	60	65	
ctt tcc ttg tcc tcc aac cgc atc cac cac ctc cat gat tct gac ttt			355
Leu Ser Leu Ser Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asp Ser Asp Phe			
70	75	80	
gcc cac ctg ccc agc ctg cgg cat ctc aac ctc aag tgg aac tgc ccg			403
Ala His Leu Pro Ser Leu Arg His Leu Asn Leu Lys Trp Asn Cys Pro			
85	90	95	
ccg gtt ggc ctc agc ccc atg cac ttc ccc tgc cac atg acc atc gag			451
Pro Val Gly Leu Ser Pro Met His Phe Pro Cys His Met Thr Ile Glu			
100	105	110	115
ccc agc acc ttc ttg gct gtg ccc acc ctg gaa gag cta aac ctg agc			499
Pro Ser Thr Phe Leu Ala Val Pro Thr Leu Glu Glu Leu Asn Leu Ser			
120	125	130	
tac aac aac atc atg act gtg cct gcg ctg ccc aaa tcc ctc ata tcc			547
Tyr Asn Asn Ile Met Thr Val Pro Ala Leu Pro Lys Ser Leu Ile Ser			
135	140	145	
ctg tcc ctc agc cat acc aac atc ctg atg cta gac tct gcc agc ctc			595
Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Met Leu Asp Ser Ala Ser Leu			
150	155	160	
gcc ggc ctg cat gcc ctg cgc ttc cta atg gac ggc aac tgt tat			643
Ala Gly Leu His Ala Leu Arg Phe Leu Phe Met Asp Gly Asn Cys Tyr			
165	170	175	
tac aag aac ccc tgc agg cag gca ctg gag gtg gcc ccg ggt gcc ctc			691
Tyr Lys Asn Pro Cys Arg Gln Ala Leu Glu Val Ala Pro Gly Ala Leu			
180	185	190	195
ctt ggc ctg ggc aac ctc acc cac ctg tca ctc aag tac aac aac ctc			739
Leu Gly Leu Gly Asn Leu Thr His Leu Ser Leu Lys Tyr Asn Asn Leu			
200	205	210	
act gtg gtg ccc cgc aac ctg cct tcc agc ctg gag tat ctg ctg ttg			787
Thr Val Val Pro Arg Asn Leu Pro Ser Ser Leu Glu Tyr Leu Leu Leu			
215	220	225	
tcc tac aac cgc atc gtc aaa ctg gcg cct gag gac ctg gcc aat ctg			835
Ser Tyr Asn Arg Ile Val Lys Leu Ala Pro Glu Asp Leu Ala Asn Leu			
230	235	240	
acc gcc ctg cgt gtg ctc gat gtg ggc gga aat tgc cgc cgc tgc gac			883
Thr Ala Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg Arg Cys Asp			
245	250	255	
cac gct ccc aac ccc tgc atg gag tgc cct cgt cac ttc ccc cag cta			931
His Ala Pro Asn Pro Cys Met Glu Cys Pro Arg His Phe Pro Gln Leu			
260	265	270	275
cat ccc gat acc ttc agc cac ctg agc cgt ctt gaa ggc ctg gtg ttg			979
His Pro Asp Thr Phe Ser His Leu Ser Arg Leu Glu Gly Leu Val Leu			
280	285	290	
aag gac agt tct ctc tcc tgg ctg aat gcc agt tgg ttc cgt ggg ctg			1027
Lys Asp Ser Ser Leu Ser Trp Leu Asn Ala Ser Trp Phe Arg Gly Leu			
295	300	305	
gga aac ctc cga gtg ctg gac ctg agt gag aac ttc ctc tac aaa tgc			1075

Gly Asn Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu Tyr Lys Cys			
310	315	320	
atc act aaa acc aag gcc ttc cag ggc cta aca cag ctg cgc aag ctt			1123
Ile Thr Lys Thr Lys Ala Phe Gln Gly Leu Thr Gln Leu Arg Lys Leu			
325	330	335	
aac ctg tcc ttc aat tac caa aag agg gtg tcc ttt gcc cac ctg tct			1171
Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Gln Lys Arg Val Ser Phe Ala His Leu Ser			
340	345	350	355
ctg gcc cct tcc ttc ggg agc ctg gtc gcc ctg aag gag ctg gac atg			1219
Leu Ala Pro Ser Phe Gly Ser Leu Val Ala Leu Lys Glu Leu Asp Met			
360	365	370	
cac ggc atc ttc ttc cgc tca ctc gat gag acc acg ctc cgg cca ctg			1267
His Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asp Glu Thr Thr Leu Arg Pro Leu			
375	380	385	
gcc cgc ctg ccc atg ctc cag act ctg cgt ctg cag atg aac ttc atc			1315
Ala Arg Leu Pro Met Leu Gln Thr Leu Arg Leu Gln Met Asn Phe Ile			
390	395	400	
aac cag gcc cag ctc ggc atc ttc agg gcc ttc cct ggc ctg cgc tac			1363
Asn Gln Ala Gln Leu Gly Ile Phe Arg Ala Phe Pro Gly Leu Arg Tyr			
405	410	415	
gtg gac ctg tcg gac aac cgc atc acg gga gct tcg gag ctg aca gcc			1411
Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Ala Ser Glu Leu Thr Ala			
420	425	430	435
acc atg ggg gag gca gat gga ggg gag aag gtc tgg ctg cag cct ggg			1459
Thr Met Gly Glu Ala Asp Gly Gly Glu Lys Val Trp Leu Gln Pro Gly			
440	445	450	
gac ctt gct ccg gcc cca gtg gac act ccc acg tct gaa gac ttc agg			1507
Asp Leu Ala Pro Ala Pro Val Asp Thr Pro Ser Ser Glu Asp Phe Arg			
455	460	465	
ccc aac tgc agc acc ctc aac ttc acc ttg gat ctg tca cgg aac aac			1555
Pro Asn Cys Ser Thr Leu Asn Phe Thr Leu Asp Leu Ser Arg Asn Asn			
470	475	480	
ctg gtg acc gtg cag ccg gag atg ttt gcc cag ctc tcg cac ctg cag			1603
Leu Val Thr Val Gln Pro Glu Met Phe Ala Gln Leu Ser His Leu Gln			
485	490	495	
tgc ctg cgc ctg agc cac aac tgc atc tcg cag gca gtc aat ggc tcc			1651
Cys Leu Arg Leu Ser His Asn Cys Ile Ser Gln Ala Val Asn Gly Ser			
500	505	510	515
cag ttc ctg ccg ctg acc ggt ctg cag gtg cta gac ctg tcc cac aat			1699
Gln Phe Leu Pro Leu Thr Gly Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser His Asn			
520	525	530	
aag ctg gac ctc tac cac gag cac tca ttc acg gag cta cca cga ctg			1747
Lys Leu Asp Leu Tyr His Glu His Ser Phe Thr Glu Leu Pro Arg Leu			
535	540	545	
gag gcc ctg gac ctc agc tac aac agc cag ccc ttt ggc atg cag ggc			1795
Glu Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe Gly Met Gln Gly			
550	555	560	
gtg ggc cac aac ttc agc ttc gtg gct cac ctg cgc acc ctg cgc cac			1843
Val Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Arg Thr Leu Arg His			
565	570	575	

ctc agc ctg gcc cac aac aac atc cac agc caa gtg tcc cag cag ctc	1891
Leu Ser Leu Ala His Asn Asn Ile His Ser Gln Val Ser Gln Gln Leu	
580 585 590 595	
tgc agt acg tcg ctg cgg gcc ctg gac ttc agc ggc aat gca ctg ggc	1939
Cys Ser Thr Ser Leu Arg Ala Leu Asp Phe Ser Gly Asn Ala Leu Gly	
600 605 610	
cat atg tgg gcc gag gga gac ctc tat ctg cac ttc ttc caa ggc ctg	1987
His Met Trp Ala Glu Gly Asp Leu Tyr Leu His Phe Phe Gln Gly Leu	
615 620 625	
agc ggt ttg atc tgg ctg gac ttg tcc cag aac cgc ctg cac acc ctc	2035
Ser Gly Leu Ile Trp Leu Asp Leu Ser Gln Asn Arg Leu His Thr Leu	
630 635 640 645	
ctg ccc caa acc ctg cgc aac ctc ccc aag agc cta cag gtg ctg cgt	2083
Leu Pro Gln Thr Leu Arg Asn Leu Pro Lys Ser Leu Gln Val Leu Arg	
645 650 655	
ctc cgt gac aat tac ctg gcc ttc ttt aag tgg tgg agc ctc cac ttc	2131
Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ala Phe Phe Lys Trp Trp Ser Leu His Phe	
660 665 670 675	
ctg ccc aaa ctg gaa gtc ctc gac ctg gca gga aac cag ctg aag gcc	2179
Leu Pro Lys Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn Gln Leu Lys Ala	
680 685 690	
ctg acc aat ggc agc ctg cct gct ggc acc cgg ctc cgg agg ctg gat	2227
Leu Thr Asn Gly Ser Leu Pro Ala Gly Thr Arg Leu Arg Arg Leu Asp	
695 700 705	
gtc agc tgc aac agc atc agc ttc gtg gcc ccc ggc ttc ttt tcc aag	2275
Val Ser Cys Asn Ser Ile Ser Phe Val Ala Pro Gly Phe Phe Ser Lys	
710 715 720	
gcc aag gag ctg cga gag ctc aac ctt agc gcc aac gcc ctc aag aca	2323
Ala Lys Glu Leu Arg Glu Leu Asn Leu Ser Ala Asn Ala Leu Lys Thr	
725 730 735	
gtg gac cac tcc tgg ttt ggg ccc ctg gcg agt gcc ctg caa ata cta	2371
Val Asp His Ser Trp Phe Gly Pro Leu Ala Ser Ala Leu Gln Ile Leu	
740 745 750 755	
gat gta agc gcc aac cct ctg cac tgc gcc tgt ggg ggc gcc ttt atg	2419
Asp Val Ser Ala Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly Ala Ala Phe Met	
760 765 770	
gac ttc ctg ctg gag gtg cag gct gcc gtg ccc ggt ctg ccc agc cgg	2467
Asp Phe Leu Leu Glu Val Gln Ala Ala Val Pro Gly Leu Pro Ser Arg	
775 780 785	
gtg aag tgt ggc agt ccg ggc cag ctc cag ggc ctc agc atc ttt gca	2515
Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Leu Ser Ile Phe Ala	
790 795 800	
cag gac ctg cgc ctc tgc ctg gat gag gcc ctc tcc tgg gac tgt ttc	2563
Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Ala Leu Ser Trp Asp Cys Phe	
805 810 815	
gcc ctc tcg ctg ctg gct gtg gct ctg ggc ctg ggt gtg ccc atg ctg	2611
Ala Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Leu Gly Leu Gly Val Pro Met Leu	
820 825 830 835	
cat cac ctc tgt ggc tgg gac ctc tgg tac tgc ttc cac ctg tgc ctg	2659
His His Leu Cys Gly Trp Asp Leu Trp Tyr Cys Phe His Leu Cys Leu	

840	845	850		
gcc tgg ctt ccc tgg cgg ggg cgg caa agt ggg cga gat gag gat gcc			2707	
Ala Trp Leu Pro Trp Arg Gly Arg Gln Ser Gly Arg Asp Glu Asp Ala				
855	860	865		
ctg ccc tac gat gcc ttc gtg gtc ttc gac aaa acg cag acg gca gtg			2755	
Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Thr Gln Ser Ala Val				
870	875	880		
gca gac tgg gtg tac aac gag ctt cgg ggg cag ctg gag gag tgc cgt			2803	
Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Gly Gln Leu Glu Glu Cys Arg				
885	890	895		
ggg cgc tgg gca ctc cgc ctg tgc ctg gag gaa cgc gac tgg ctg cct			2851	
Gly Arg Trp Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Arg Asp Trp Leu Pro				
900	905	910	915	
ggc aaa acc ctc ttt gag aac ctg tgg gcc tcg gtc tat ggc agc cgc			2899	
Gly Lys Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Val Tyr Gly Ser Arg				
920	925	930		
aag acg ctg ttt gtg ctg gcc cac acg gac cgg gtc agt ggt ctc ttg			2947	
Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser Gly Leu Leu				
935	940	945		
cgc gcc agc ttc ctg ctg gcc cag cag cgc ctg ctg gag gac cgc aag			2995	
Arg Ala Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu Asp Arg Lys				
950	955	960		
gac gtc gtg gtg ctg gtg atc ctg agc cct gac ggc cgc cgc tcc cgc			3043	
Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Ser Pro Asp Gly Arg Arg Ser Arg				
965	970	975		
tac gtg cgg ctg cgc cag cgc ctc tgc cgc cag agt gtc ctc ctc tgg			3091	
Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val Leu Leu Trp				
980	985	990	995	
ccc cac cag ccc agt ggt cag cgc agc ttc tgg gcc cag ctg ggc atg			3139	
Pro His Gln Pro Ser Gly Gln Arg Ser Phe Trp Ala Gln Leu Gly Met				
1000	1005	1010		
gcc ctg acc agg gac aac cac cac ttc tat aac cgg aac ttc tgc cag			3187	
Ala Leu Thr Arg Asp Asn His His Phe Tyr Asn Arg Asn Phe Cys Gln				
1015	1020	1025		
gga ccc acg gcc gaa tag ccgtgagccg gaatctgca cgggccacc			3235	
Gly Pro Thr Ala Glu				
1030				
tccacactca cctcactct gc			3257	
<210> 2				
<211> 1032				
<212> PRT				
<213> Homo sapiens				
<400> 2				
Met Gly Phe Cys Arg Ser Ala Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln				
1	5	10	15	
Ala Ile Met Leu Ala Met Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe				
20	25	30		
Leu Pro Cys Glu Leu Gln Pro His Gly Leu Val Asn Cys Asn Trp Leu				
35	40	45		
Phe Leu Lys Ser Val Pro His Phe Ser Met Ala Ala Pro Arg Gly Asn				

50	55	60
Val Thr Ser Leu Ser Leu Ser Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asp		
65	70	75
Ser Asp Phe Ala His Leu Pro Ser Leu Arg His Leu Asn Leu Lys Trp		80
85	90	95
Asn Cys Pro Pro Val Gly Leu Ser Pro Met His Phe Pro Cys His Met		
100	105	110
Thr Ile Glu Pro Ser Thr Phe Leu Ala Val Pro Thr Leu Glu Glu Leu		
115	120	125
Asn Leu Ser Tyr Asn Asn Ile Met Thr Val Pro Ala Leu Pro Lys Ser		
130	135	140
Leu Ile Ser Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Met Leu Asp Ser		
145	150	155
Ala Ser Leu Ala Gly Leu His Ala Leu Arg Phe Leu Phe Met Asp Gly		160
165	170	175
Asn Cys Tyr Tyr Lys Asn Pro Cys Arg Gln Ala Leu Glu Val Ala Pro		
180	185	190
Gly Ala Leu Leu Gly Leu Gly Asn Leu Thr His Leu Ser Leu Lys Tyr		
195	200	205
Asn Asn Leu Thr Val Val Pro Arg Asn Leu Pro Ser Ser Leu Glu Tyr		
210	215	220
Leu Leu Leu Ser Tyr Asn Arg Ile Val Lys Leu Ala Pro Glu Asp Leu		
225	230	235
Ala Asn Leu Thr Ala Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg		240
245	250	255
Arg Cys Asp His Ala Pro Asn Pro Cys Met Glu Cys Pro Arg His Phe		
260	265	270
Pro Gln Leu His Pro Asp Thr Phe Ser His Leu Ser Arg Leu Glu Gly		
275	280	285
Leu Val Leu Lys Asp Ser Ser Leu Ser Trp Leu Asn Ala Ser Trp Phe		
290	295	300
Arg Gly Leu Gly Asn Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu		
305	310	315
Tyr Lys Cys Ile Thr Lys Thr Lys Ala Phe Gln Gly Leu Thr Gln Leu		320
325	330	335
Arg Lys Leu Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Gln Lys Arg Val Ser Phe Ala		
340	345	350
His Leu Ser Leu Ala Pro Ser Phe Gly Ser Leu Val Ala Leu Lys Glu		
355	360	365
Leu Asp Met His Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asp Glu Thr Thr Leu		
370	375	380
Arg Pro Leu Ala Arg Leu Pro Met Leu Gln Thr Leu Arg Leu Gln Met		
385	390	395
Asn Phe Ile Asn Gln Ala Gln Leu Gly Ile Phe Arg Ala Phe Pro Gly		400
405	410	415
Leu Arg Tyr Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Ala Ser Glu		
420	425	430
Leu Thr Ala Thr Met Gly Glu Ala Asp Gly Gly Glu Lys Val Trp Leu		
435	440	445
Gln Pro Gly Asp Leu Ala Pro Ala Pro Val Asp Thr Pro Ser Ser Glu		

450	455	460	
Asp Phe Arg Pro Asn Cys Ser Thr Leu Asn Phe Thr Leu Asp Leu Ser			
465	470	475	480
Arg Asn Asn Leu Val Thr Val Gln Pro Glu Met Phe Ala Gln Leu Ser			
485	490	495	
His Leu Gln Cys Leu Arg Leu Ser His Asn Cys Ile Ser Gln Ala Val			
500	505	510	
Asn Gly Ser Gln Phe Leu Pro Leu Thr Gly Leu Gln Val Leu Asp Leu			
515	520	525	
Ser His Asn Lys Leu Asp Leu Tyr His Glu His Ser Phe Thr Glu Leu			
530	535	540	
Pro Arg Leu Glu Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe Gly			
545	550	555	560
Met Gln Gly Val Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Arg Thr			
565	570	575	
Leu Arg His Leu Ser Leu Ala His Asn Asn Ile His Ser Gln Val Ser			
580	585	590	
Gln Gln Leu Cys Ser Thr Ser Leu Arg Ala Leu Asp Phe Ser Gly Asn			
595	600	605	
Ala Leu Gly His Met Trp Ala Glu Gly Asp Leu Tyr Leu His Phe Phe			
610	615	620	
Gln Gly Leu Ser Gly Leu Ile Trp Leu Asp Leu Ser Gln Asn Arg Leu			
625	630	635	640
His Thr Leu Leu Pro Gln Thr Leu Arg Asn Leu Pro Lys Ser Leu Gln			
645	650	655	
Val Leu Arg Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ala Phe Phe Lys Trp Trp Ser			
660	665	670	
Leu His Phe Leu Pro Lys Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn Gln			
675	680	685	
Leu Lys Ala Leu Thr Asn Gly Ser Leu Pro Ala Gly Thr Arg Leu Arg			
690	695	700	
Arg Leu Asp Val Ser Cys Asn Ser Ile Ser Phe Val Ala Pro Gly Phe			
705	710	715	720
Phe Ser Lys Ala Lys Glu Leu Arg Glu Leu Asn Leu Ser Ala Asn Ala			
725	730	735	
Leu Lys Thr Val Asp His Ser Trp Phe Gly Pro Leu Ala Ser Ala Leu			
740	745	750	
Gln Ile Leu Asp Val Ser Ala Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly Ala			
755	760	765	
Ala Phe Met Asp Phe Leu Leu Glu Val Gln Ala Ala Val Pro Gly Leu			
770	775	780	
Pro Ser Arg Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Leu Ser			
785	790	795	800
Ile Phe Ala Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Ala Leu Ser Trp			
805	810	815	
Asp Cys Phe Ala Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Leu Gly Leu Gly Val			
820	825	830	
Pro Met Leu His His Leu Cys Gly Trp Asp Leu Trp Tyr Cys Phe His			
835	840	845	
Leu Cys Leu Ala Trp Leu Pro Trp Arg Gly Arg Gln Ser Gly Arg Asp			

850	855	860	
Glu Asp Ala Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Thr Gln			
865	870	875	880
Ser Ala Val Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Gly Gln Leu Glu			
885	890	895	
Glu Cys Arg Gly Arg Trp Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Glu Arg Asp			
900	905	910	
Trp Leu Pro Gly Lys Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Val Tyr			
915	920	925	
Gly Ser Arg Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser			
930	935	940	
Gly Leu Leu Arg Ala Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu			
945	950	955	960
Asp Arg Lys Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Ser Pro Asp Gly Arg			
965	970	975	
Arg Ser Arg Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val			
980	985	990	
Leu Leu Trp Pro His Gln Pro Ser Gly Gln Arg Ser Phe Trp Ala Gln			
995	1000	1005	
Leu Gly Met Ala Leu Thr Arg Asp Asn His His Phe Tyr Asn Arg Asn			
1010	1015	1020	
Phe Cys Gln Gly Pro Thr Ala Glu			
1025	1030		
<210> 3			
<211> 3471			
<212> DNA			
<213> Mus musculus			
<220>			
<221> CDS			
<222> (107)..(3205)			
<400> 3			
tgaaagtgtc acttcctcaa ttctctgaga gaccctggtg tggAACATCA ttctctgccg 60			
cccaagttgt cagagggagc ctcggagaa tcctccatct cccaaatcgttctc 115			
Met Val Leu			
1			
cgt cga agg act ctg cac ccc ttg tcc ctc ctg gta cag gct gca gtg 163			
Arg Arg Arg Thr Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln Ala Ala Val			
5	10	15	
ctg gct gag act ctg gcc ctg ggt acc ctg cct gcc ttc cta ccc tgt 211			
Leu Ala Glu Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe Leu Pro Cys			
20	25	30	35
gag ctg aag cct cat ggc ctg gtg gac tgc aat tgg ctg ttc ctg aag 259			
Glu Leu Lys Pro His Gly Leu Val Asp Cys Asn Trp Leu Phe Leu Lys			
40	45	50	
tct gta ccc cgt ttc tct gcg gca gca tcc tgc tcc aac atc acc cgc 307			
Ser Val Pro Arg Phe Ser Ala Ala Ser Cys Ser Asn Ile Thr Arg			
55	60	65	
ctc tcc ttg atc tcc aac cgt atc cac cac ctg cac aac tcc gac ttc 355			
Leu Ser Leu Ile Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asn Ser Asp Phe			
70	75	80	

gtc cac ctg tcc aac ctg cgg cag ctg aac ctc aag tgg aac tgt cca	403
Val His Leu Ser Asn Leu Arg Gln Leu Asn Leu Lys Trp Asn Cys Pro	
85 90 95	
ccc act ggc ctt agc ccc ttg cac ttc tct tgc cac atg acc att gag	451
Pro Thr Gly Leu Ser Pro Leu His Phe Ser Cys His Met Thr Ile Glu	
100 105 110 115	
ccc aga acc ttc ctg gct atg cgt aca ctg gag gag ctg aac ctg agc	499
Pro Arg Thr Phe Leu Ala Met Arg Thr Leu Glu Glu Leu Asn Leu Ser	
120 125 130	
tat aat ggt atc acc act gtg ccc cga ctg ccc agc tcc ctg gtg aat	547
Tyr Asn Gly Ile Thr Thr Val Pro Arg Leu Pro Ser Ser Leu Val Asn	
135 140 145	
ctg agc ctg agc cac acc aac atc ctg gtt cta gat gct aac agc ctc	595
Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Val Leu Asp Ala Asn Ser Leu	
150 155 160	
gcc ggc cta tac agc ctg cgc gtt ctc ttc atg gac ggg aac tgc tac	643
Ala Gly Leu Tyr Ser Leu Arg Val Leu Phe Met Asp Gly Asn Cys Tyr	
165 170 175	
tac aag aac ccc tgc aca gga gcg gtg aag gtg acc cca ggc gcc ctc	691
Tyr Lys Asn Pro Cys Thr Gly Ala Val Lys Val Thr Pro Gly Ala Leu	
180 185 190 195	
ctg ggc ctg agc aat ctc acc cat ctg tct gtg aag tat aac aac ctc	739
Leu Gly Leu Ser Asn Leu Thr His Leu Ser Val Lys Tyr Asn Asn Leu	
200 205 210	
aca aag gtg ccc cgc caa ctg ccc ccc agc ctg gag tac ctc ctg gtg	787
Thr Lys Val Pro Arg Gln Leu Pro Pro Ser Leu Glu Tyr Leu Leu Val	
215 220 225	
tcc tat aac ctc att gtc aag ctg ggg cct gaa gac ctg gcc aat ctg	835
Ser Tyr Asn Leu Ile Val Lys Leu Gly Pro Glu Asp Leu Ala Asn Leu	
230 235 240	
acc tcc ctt cga gta ctt gat gtg ggt ggg aat tgc cgt cgc tgc gac	883
Thr Ser Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg Arg Cys Asp	
245 250 255	
cat gcc ccc aat ccc tgt ata gaa tgt ggc caa aag tcc ctc cac ctg	931
His Ala Pro Asn Pro Cys Ile Glu Cys Gly Gln Lys Ser Leu His Leu	
260 265 270 275	
cac cct gag acc ttc cat cac ctg agc cat ctg gaa ggc ctg gtg ctg	979
His Pro Glu Thr Phe His His Leu Ser His Leu Glu Gly Leu Val Leu	
280 285 290	
aag gac agc tct ctc cat aca ctg aac tct tcc tgg ttc caa ggt ctg	1027
Lys Asp Ser Ser Leu His Thr Leu Asn Ser Ser Trp Phe Gln Gly Leu	
295 300 305	
gtc aac ctc tgc gtg ctg gac cta agc gag aac ttt ctc tat gaa agc	1075
Val Asn Leu Ser Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu Tyr Glu Ser	
310 315 320	
atc aac cac acc aat gcc ttt cag aac cta acc cgc ctg cgc aag ctc	1123
Ile Asn His Thr Asn Ala Phe Gln Asn Leu Thr Arg Leu Arg Lys Leu	
325 330 335	
aac ctg tcc ttc aat tac cgc aag aag gta tcc ttt gcc cgc ctc cac	1171
Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Arg Lys Lys Val Ser Phe Ala Arg Leu His	

340	345	350	355	
ctg gca agt tcc ttc aag aac ctg gtg tca ctg cag gag ctg aac atg				1219
Leu Ala Ser Ser Phe Lys Asn Leu Val Ser Leu Gln Glu Leu Asn Met				
360	365	370		
aac ggc atc ttc ttc cgc tcg ctc aac aag tac acg ctc aga tgg ctg				1267
Asn Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asn Lys Tyr Thr Leu Arg Trp Leu				
375	380	385		
gcc gat ctg ccc aaa ctc cac act ctg cat ctt caa atg aac ttc atc				1315
Ala Asp Leu Pro Lys Leu His Thr Leu His Leu Gln Met Asn Phe Ile				
390	395	400		
aac cag gca cag ctc agc atc ttt ggt acc ttc cga gcc ctt cgc ttt				1363
Asn Gln Ala Gln Leu Ser Ile Phe Gly Thr Phe Arg Ala Leu Arg Phe				
405	410	415		
gtg gac ttg tca gac aat cgc atc agt ggg cct tca acg ctg tca gaa				1411
Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Pro Ser Thr Leu Ser Glu				
420	425	430	435	
gcc acc cct gaa gag gca gat gat gca gag cag gag gag ctg ttg tct				1459
Ala Thr Pro Glu Glu Ala Asp Asp Ala Glu Gln Glu Glu Leu Leu Ser				
440	445	450		
gcf gat cct cac cca gct cca ctg agc acc cct gct tct aag aac ttc				1507
Ala Asp Pro His Pro Ala Pro Leu Ser Thr Pro Ala Ser Lys Asn Phe				
455	460	465		
atg gac agg tgt aag aac ttc aag ttc acc atg gac ctg tct cgg aac				1555
Met Asp Arg Cys Lys Asn Phe Lys Phe Thr Met Asp Leu Ser Arg Asn				
470	475	480		
aac ctg gtg act atc aag cca gag atg ttt gtc aat ctc tca cgc ctc				1603
Asn Leu Val Thr Ile Lys Pro Glu Met Phe Val Asn Leu Ser Arg Leu				
485	490	495		
cag tgt ctt agc ctg agc cac aac tcc att gca cag gct gtc aat ggc				1651
Gln Cys Leu Ser Leu Ser His Asn Ser Ile Ala Gln Ala Val Asn Gly				
500	505	510	515	
tct cag ttc ctg ccg ctg act aat ctg cag gtg ctg gac ctg tcc cat				1699
Ser Gln Phe Leu Pro Leu Thr Asn Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser His				
520	525	530		
aac aaa ctg gac ttg tac cac tgg aaa tcg ttc agt gag cta cca cag				1747
Asn Lys Leu Asp Leu Tyr His Trp Lys Ser Phe Ser Glu Leu Pro Gln				
535	540	545		
ttg cag gcc ctg gac ctg agc tac aac agc cag ccc ttt agc atg aag				1795
Leu Gln Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe Ser Met Lys				
550	555	560		
ggt ata ggc cac aat ttc agt ttt gtg gcc cat ctg tcc atg cta cac				1843
Gly Ile Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Ser Met Leu His				
565	570	575		
agc ctt agc ctg gca cac aat gac att cat acc cgt gtg tcc tca cat				1891
Ser Leu Ser Leu Ala His Asn Asp Ile His Thr Arg Val Ser Ser His				
580	585	590	595	
ctc aac agc aac tca gtg agg ttt ctt gac ttc agc ggc aac ggt atg				1939
Leu Asn Ser Asn Ser Val Arg Phe Leu Asp Phe Ser Gly Asn Gly Met				
600	605	610		
ggc cgc atg tgg gat gag ggg ggc ctt tat ctc cat ttc ttc caa ggc				1987

Gly Arg Met Trp Asp Glu Gly Gly Leu Tyr Leu His Phe Phe Gln Gly			
615	620	625	
ctg agt ggc ctg ctg aag ctg gac ctg tct caa aat aac ctg cat atc			2035
Leu Ser Gly Leu Leu Lys Leu Asp Leu Ser Gln Asn Asn Leu His Ile			
630	635	640	
ctc cgg ccc cag aac ctt gac aac ctc ccc aag agc ctg aag ctg ctg			2083
Leu Arg Pro Gln Asn Leu Asp Asn Leu Pro Lys Ser Leu Lys Leu Leu			
645	650	655	
agc ctc cga gac aac tac cta tct ttc ttt aac tgg acc agt ctg tcc			2131
Ser Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ser Phe Phe Asn Trp Thr Ser Leu Ser			
660	665	670	675
ttc ctg ccc aac ctg gaa gtc cta gac ctg gca ggc aac cag cta aag			2179
Phe Leu Pro Asn Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn Gln Leu Lys			
680	685	690	
gcc ctg acc aat ggc acc ctg cct aat ggc acc ctc ctc cag aaa ctg			2227
Ala Leu Thr Asn Gly Thr Leu Pro Asn Gly Thr Leu Leu Gln Lys Leu			
695	700	705	
gat gtc agc agc aac agt atc gtc tct gtg gtc cca gcc ttc ttc gct			2275
Asp Val Ser Ser Asn Ser Ile Val Ser Val Val Pro Ala Phe Phe Ala			
710	715	720	
ctg gcg gtc gag ctg aaa gag gtc aac ctc agc cac aac att ctc aag			2323
Leu Ala Val Glu Leu Lys Glu Val Asn Leu Ser His Asn Ile Leu Lys			
725	730	735	
acg gtg gat cgc tcc tgg ttt ggg ccc att gtg atg aac ctg aca gtt			2371
Thr Val Asp Arg Ser Trp Phe Gly Pro Ile Val Met Asn Leu Thr Val			
740	745	750	755
cta gac gtg aga agc aac cct ctg cac tgt gcc tgt ggg gca gcc ttc			2419
Leu Asp Val Arg Ser Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly Ala Ala Phe			
760	765	770	
gta gac tta ctg ttg gag gtg cag acc aag gtg cct ggc ctg gct aat			2467
Val Asp Leu Leu Glu Val Gln Thr Lys Val Pro Gly Leu Ala Asn			
775	780	785	
ggt gtg aag tgt ggc agc ccc ggc cag ctg cag ggc cgt agc atc ttc			2515
Gly Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Arg Ser Ile Phe			
790	795	800	
gca cag gag ctg cgg ctg tgc ctg gat gag gtc ctc tct tgg gac tgc			2563
Ala Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Val Leu Ser Trp Asp Cys			
805	810	815	
ttt ggc ctt tca ctc ttg gct gtg gcc gtg ggc atg gtg gtg cct ata			2611
Phe Gly Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Val Gly Met Val Val Pro Ile			
820	825	830	835
ctg cac cat ctc tgc ggc tgg gac gtc tgg tac tgt ttt cat ctg tgc			2659
Leu His His Leu Cys Gly Trp Asp Val Trp Tyr Cys Phe His Leu Cys			
840	845	850	
ctg gca tgg cta cct ttg ctg gcc cgc agc cga cgc agc gac caa gct			2707
Leu Ala Trp Leu Pro Leu Leu Ala Arg Ser Arg Arg Ser Ala Gln Ala			
855	860	865	
ctc ccc tat gat gcc ttc gtg gtg ttc gat aag gca cag agc gca gtt			2755
Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Ala Gln Ser Ala Val			
870	875	880	

gcg gac tgg gtg tat aac gag ctg cgg gtg cgg ctg gag gag cgg cgc 2803
 Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Val Arg Leu Glu Glu Arg Arg
 885 890 895
 ggt cgc cga gcc cta cgc ttg tgt ctg gag gac cga gat tgg ctg cct 2851
 Gly Arg Arg Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Asp Arg Asp Trp Leu Pro
 900 905 910 915
 ggc cag acg ctc ttc gag aac ctc tgg gct tcc atc tat ggg agc cgc 2899
 Gly Gln Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Ile Tyr Gly Ser Arg
 920 925 930
 aag act cta ttt gtg ctg gcc cac acg gac cgc gtc agt ggc ctc ctg 2947
 Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser Gly Leu Leu
 935 940 945
 cgc acc agc ttc ctg ctg gct cag cag cgc ctg ttg gaa gac cgc aag 2995
 Arg Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu Asp Arg Lys
 950 955 960
 gac gtg gtg gtg ttg atc ctg cgt ccg gat gcc cac cgc tcc cgc 3043
 Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Arg Pro Asp Ala His Arg Ser Arg
 965 970 975
 tat gtg cga ctg cgc cag cgt ctc tgc cgc cag agt gtg ctc ttc tgg 3091
 Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val Leu Phe Trp
 980 985 990 995
 ccc cag cag ccc aac ggg cag ggg ggc ttc tgg gcc cag ctg agt aca 3139
 Pro Gln Gln Pro Asn Gly Gln Gly Gly Phe Trp Ala Gln Leu Ser Thr
 1000 1005 1010
 gcc ctg act agg gac aac cgc cac ttc tat aac cag aac ttc tgc cgg 3187
 Ala Leu Thr Arg Asp Asn Arg His Phe Tyr Asn Gln Asn Phe Cys Arg
 1015 1020 1025
 gga cct aca gca gaa tag ctcagagcaa cagctggaaa cagctgcattc 3235
 Gly Pro Thr Ala Glu
 1030
 ttcatgcctg gttcccgagt tgctctgcct gccttgctct gtcttactac accgttattt 3295
 ggcaagtgcg caaatatatgc taccaagcca ccaggccac ccaggccac 3355
 aggtagttt tcttccatg catcttcag gagagtgaag atagacacca gacccacaca 3415
 gaacaggact ggagttcatt ctctgcccct ccacccact ttgcctgtct ctgtat 3471
 <210> 4
 <211> 1032
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 4
 Met Val Leu Arg Arg Arg Thr Leu His Pro Leu Ser Leu Leu Val Gln
 1 5 10 15
 Ala Ala Val Leu Ala Glu Thr Leu Ala Leu Gly Thr Leu Pro Ala Phe
 20 25 30
 Leu Pro Cys Glu Leu Lys Pro His Gly Leu Val Asp Cys Asn Trp Leu
 35 40 45
 Phe Leu Lys Ser Val Pro Arg Phe Ser Ala Ala Ser Cys Ser Asn
 50 55 60
 Ile Thr Arg Leu Ser Leu Ile Ser Asn Arg Ile His His Leu His Asn
 65 70 75 80
 Ser Asp Phe Val His Leu Ser Asn Leu Arg Gln Leu Asn Leu Lys Trp

85	90	95
Asn Cys Pro Pro Thr Gly Leu Ser Pro Leu His Phe Ser Cys His Met		
100	105	110
Thr Ile Glu Pro Arg Thr Phe Leu Ala Met Arg Thr Leu Glu Glu Leu		
115	120	125
Asn Leu Ser Tyr Asn Gly Ile Thr Thr Val Pro Arg Leu Pro Ser Ser		
130	135	140
Leu Val Asn Leu Ser Leu Ser His Thr Asn Ile Leu Val Leu Asp Ala		
145	150	155
160		
Asn Ser Leu Ala Gly Leu Tyr Ser Leu Arg Val Leu Phe Met Asp Gly		
165	170	175
Asn Cys Tyr Tyr Lys Asn Pro Cys Thr Gly Ala Val Lys Val Thr Pro		
180	185	190
Gly Ala Leu Leu Gly Leu Ser Asn Leu Thr His Leu Ser Val Lys Tyr		
195	200	205
Asn Asn Leu Thr Lys Val Pro Arg Gln Leu Pro Pro Ser Leu Glu Tyr		
210	215	220
Leu Leu Val Ser Tyr Asn Leu Ile Val Lys Leu Gly Pro Glu Asp Leu		
225	230	235
240		
Ala Asn Leu Thr Ser Leu Arg Val Leu Asp Val Gly Gly Asn Cys Arg		
245	250	255
Arg Cys Asp His Ala Pro Asn Pro Cys Ile Glu Cys Gly Gln Lys Ser		
260	265	270
Leu His Leu His Pro Glu Thr Phe His His Leu Ser His Leu Glu Gly		
275	280	285
Leu Val Leu Lys Asp Ser Ser Leu His Thr Leu Asn Ser Ser Trp Phe		
290	295	300
Gln Gly Leu Val Asn Leu Ser Val Leu Asp Leu Ser Glu Asn Phe Leu		
305	310	315
320		
Tyr Glu Ser Ile Asn His Thr Asn Ala Phe Gln Asn Leu Thr Arg Leu		
325	330	335
Arg Lys Leu Asn Leu Ser Phe Asn Tyr Arg Lys Lys Val Ser Phe Ala		
340	345	350
Arg Leu His Leu Ala Ser Ser Phe Lys Asn Leu Val Ser Leu Gln Glu		
355	360	365
Leu Asn Met Asn Gly Ile Phe Phe Arg Ser Leu Asn Lys Tyr Thr Leu		
370	375	380
Arg Trp Leu Ala Asp Leu Pro Lys Leu His Thr Leu His Leu Gln Met		
385	390	395
400		
Asn Phe Ile Asn Gln Ala Gln Leu Ser Ile Phe Gly Thr Phe Arg Ala		
405	410	415
Leu Arg Phe Val Asp Leu Ser Asp Asn Arg Ile Ser Gly Pro Ser Thr		
420	425	430
Leu Ser Glu Ala Thr Pro Glu Glu Ala Asp Asp Ala Glu Gln Glu Glu		
435	440	445
Leu Leu Ser Ala Asp Pro His Pro Ala Pro Leu Ser Thr Pro Ala Ser		
450	455	460
Lys Asn Phe Met Asp Arg Cys Lys Asn Phe Lys Phe Thr Met Asp Leu		
465	470	475
480		
Ser Arg Asn Asn Leu Val Thr Ile Lys Pro Glu Met Phe Val Asn Leu		

485	490	495
Ser Arg Leu Gln Cys Leu Ser Leu Ser His Asn Ser Ile Ala Gln Ala		
500	505	510
Val Asn Gly Ser Gln Phe Leu Pro Leu Thr Asn Leu Gln Val Leu Asp		
515	520	525
Leu Ser His Asn Lys Leu Asp Leu Tyr His Trp Lys Ser Phe Ser Glu		
530	535	540
Leu Pro Gln Leu Gln Ala Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ser Gln Pro Phe		
545	550	555
Ser Met Lys Gly Ile Gly His Asn Phe Ser Phe Val Ala His Leu Ser		
565	570	575
Met Leu His Ser Leu Ser Leu Ala His Asn Asp Ile His Thr Arg Val		
580	585	590
Ser Ser His Leu Asn Ser Asn Ser Val Arg Phe Leu Asp Phe Ser Gly		
595	600	605
Asn Gly Met Gly Arg Met Trp Asp Glu Gly Gly Leu Tyr Leu His Phe		
610	615	620
Phe Gln Gly Leu Ser Gly Leu Leu Lys Leu Asp Leu Ser Gln Asn Asn		
625	630	635
Leu His Ile Leu Arg Pro Gln Asn Leu Asp Asn Leu Pro Lys Ser Leu		
645	650	655
Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Asn Tyr Leu Ser Phe Phe Asn Trp Thr		
660	665	670
Ser Leu Ser Phe Leu Pro Asn Leu Glu Val Leu Asp Leu Ala Gly Asn		
675	680	685
Gln Leu Lys Ala Leu Thr Asn Gly Thr Leu Pro Asn Gly Thr Leu Leu		
690	695	700
Gln Lys Leu Asp Val Ser Ser Asn Ser Ile Val Ser Val Val Pro Ala		
705	710	715
Phe Phe Ala Leu Ala Val Glu Leu Lys Glu Val Asn Leu Ser His Asn		
725	730	735
Ile Leu Lys Thr Val Asp Arg Ser Trp Phe Gly Pro Ile Val Met Asn		
740	745	750
Leu Thr Val Leu Asp Val Arg Ser Asn Pro Leu His Cys Ala Cys Gly		
755	760	765
Ala Ala Phe Val Asp Leu Leu Glu Val Gln Thr Lys Val Pro Gly		
770	775	780
Leu Ala Asn Gly Val Lys Cys Gly Ser Pro Gly Gln Leu Gln Gly Arg		
785	790	795
Ser Ile Phe Ala Gln Asp Leu Arg Leu Cys Leu Asp Glu Val Leu Ser		
805	810	815
Trp Asp Cys Phe Gly Leu Ser Leu Leu Ala Val Ala Val Gly Met Val		
820	825	830
Val Pro Ile Leu His His Leu Cys Gly Trp Asp Val Trp Tyr Cys Phe		
835	840	845
His Leu Cys Leu Ala Trp Leu Pro Leu Leu Ala Arg Ser Arg Arg Ser		
850	855	860
Ala Gln Ala Leu Pro Tyr Asp Ala Phe Val Val Phe Asp Lys Ala Gln		
865	870	875
Ser Ala Val Ala Asp Trp Val Tyr Asn Glu Leu Arg Val Arg Leu Glu		

885	890	895	
Glu Arg Arg Gly Arg Arg Ala Leu Arg Leu Cys Leu Glu Asp Arg Asp			
900	905	910	
Trp Leu Pro Gly Gln Thr Leu Phe Glu Asn Leu Trp Ala Ser Ile Tyr			
915	920	925	
Gly Ser Arg Lys Thr Leu Phe Val Leu Ala His Thr Asp Arg Val Ser			
930	935	940	
Gly Leu Leu Arg Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gln Gln Arg Leu Leu Glu			
945	950	955	960
Asp Arg Lys Asp Val Val Val Leu Val Ile Leu Arg Pro Asp Ala His			
965	970	975	
Arg Ser Arg Tyr Val Arg Leu Arg Gln Arg Leu Cys Arg Gln Ser Val			
980	985	990	
Leu Phe Trp Pro Gln Gln Pro Asn Gly Gln Gly Phe Trp Ala Gln			
995	1000	1005	
Leu Ser Thr Ala Leu Thr Arg Asp Asn Arg His Phe Tyr Asn Gln Asn			
1010	1015	1020	
Phe Cys Arg Gly Pro Thr Ala Glu			
1025	1030		

<210> 5
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence:CpG ODN

<400> 5
 tccatgacgt tcctgatgct

【図面の簡単な説明】

【図1】本発明のTLR9ノックアウトマウスと野生型マウスの遺伝子地図を示す図である。

【図2】本発明のTLR9ノックアウトマウスのサザンプロット分析の結果を示す図である。

【図3】本発明のTLR9ノックアウトマウスの脾臓細胞におけるノーザンプロット分析の結果を示す図である。

【図4】本発明のTLR9ノックアウトマウスと野生型マウスのアミノ酸配列の比較結果を示す図である。

【図5】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN、PGN又はLPS誘導によるTNF α 、IL-6又はIL12の産生量の結果を示す図である。

【図6】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導による細胞増殖応答の結果を示す図である。

20

【図7】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるIL-1 β の産生量の結果を示す図である。

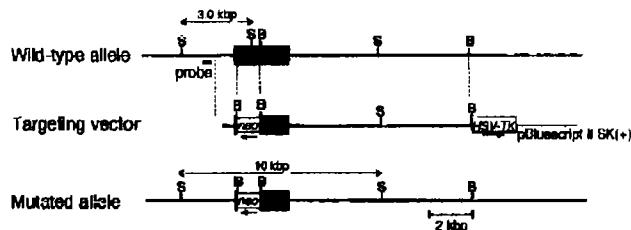
【図8】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるCD40、CD80、CD86及びMHCクラスIIの発現量の結果を示す図である。

【図9】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるNF- κ Bの活性化の結果を示す図である。

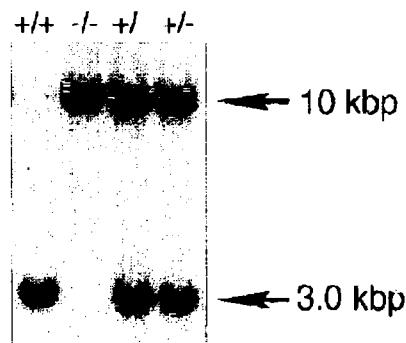
【図10】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるJNKの活性化の結果を示す図である。

【図11】本発明のTLR9ノックアウトマウス及び野生型マウスにおけるCpG ODN又はLPS誘導によるIRAKの活性化の結果を示す図である。

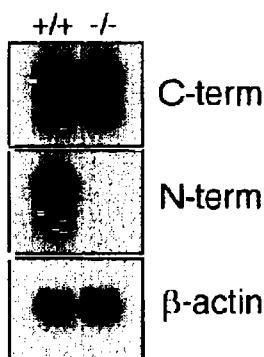
【図1】



【図2】



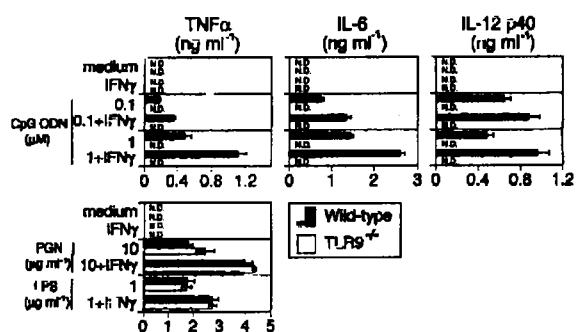
【図3】



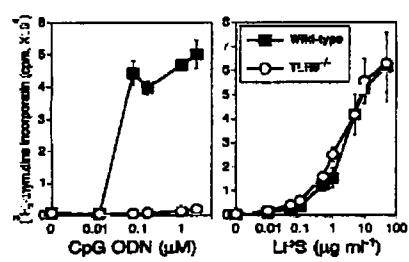
【図4】

+/+ : 87 TCC AAC CTG CGG CAG CTG AAC CTC AAG TGG AAC TGT CCA CCC ACT GGC CTT AGC CCC TTG SAC TJC TCT TGC
 S N L R Q L N L K W N C P P T G L S P L H F S C
 -/- : 87 TCC AAC CTG CGG CAG CTG AAC CTC AAG TGG ATT TIG TCC ACC TGT CCT CGA CGG ATC CGA ACA AAC GAC CCA
 90 96 100 110
 -/- : 90 96
 +/+ : 120 CAC ATG ACC ATT GAG CCC AGA ACC TIC CTG GCT ATG CGT ACA CTG GAG GAG CTG AAC CTG AGC TAT AAJ GGT
 H M T I E P R T F L A M R T L E E L N L S Y N G
 -/- : 130 I P V R F I L S F Y C R S P Q K N S S R R R *
 ACA CCC GTG CGT TTT ATT CTG TCT TTT TAT TGC CGA TCC CCT CAG AAG AAC TCG TCA AGA AGG CGA TAG

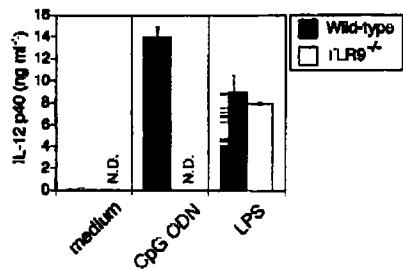
【図5】



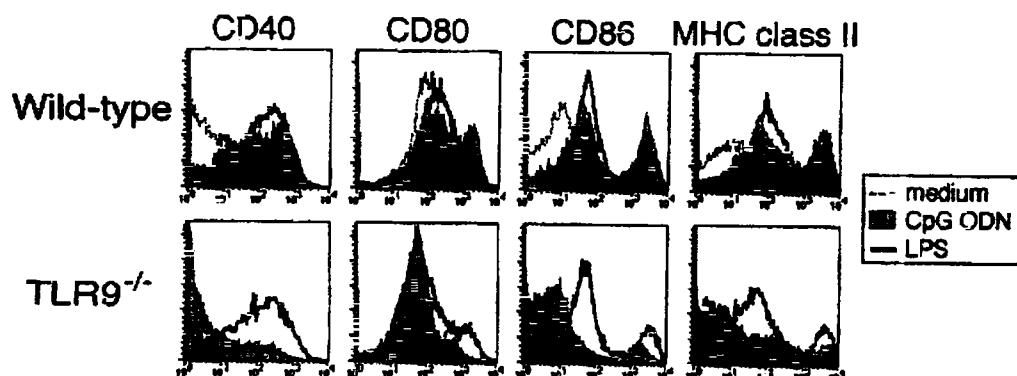
【図6】



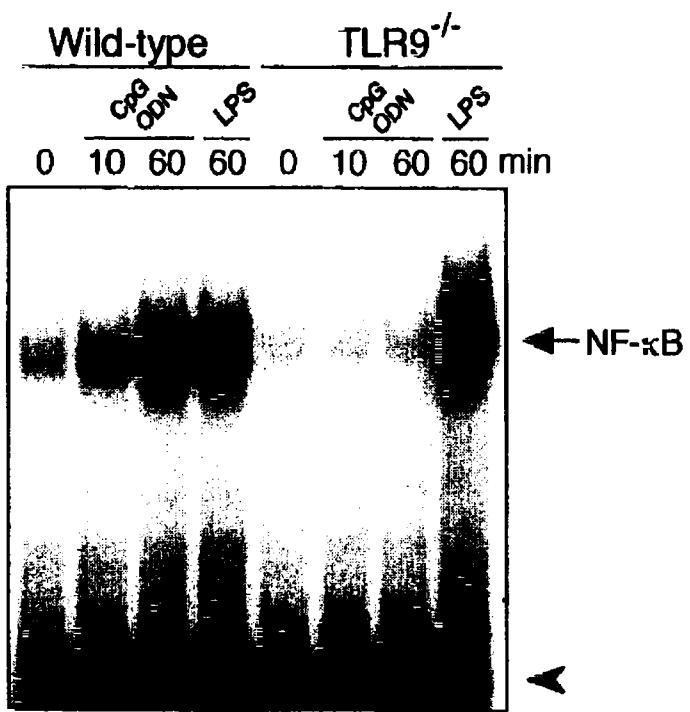
【図7】



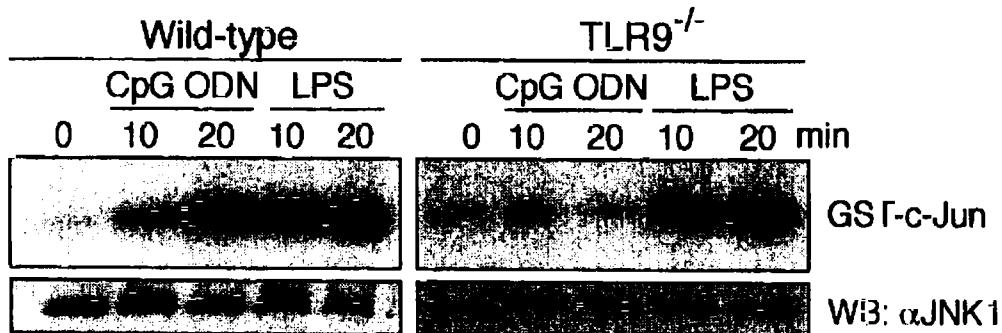
【図8】



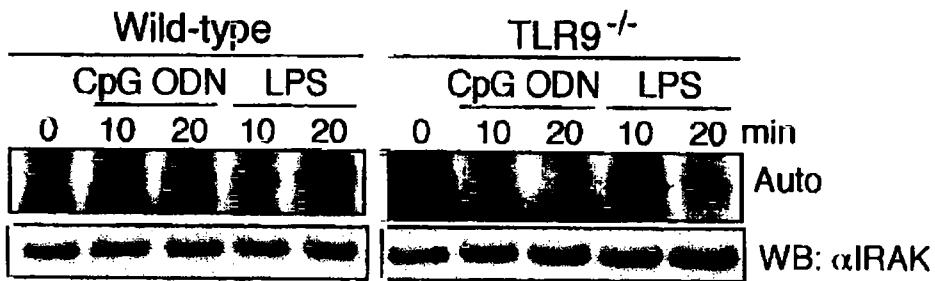
(图9)



【図10】



【図11】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. 7	識別記号	F I	(参考)
A 6 1 P	37/08	C 0 7 K 16/28	4 C 0 8 4
C 0 7 K	14/005	C 1 2 N 1/15	4 H 0 4 5
	16/28	1/19	
C 1 2 N	1/15	1/21	
	1/19	C 1 2 Q 1/68	A
	1/21	G 0 1 N 33/15	Z
	5/10	33/50	Z
C 1 2 Q	1/68	33/566	
G 0 1 N	33/15	33/577	B
	33/50	C 1 2 P 21/08	
	33/566	(C 1 2 Q 1/68	A
	33/577	C 1 2 R 1:91)	
// C 1 2 P	21/08	(C 1 2 P 21/08	
(C 1 2 Q	1/68	C 1 2 R 1:91)	
C 1 2 R	1:91)	C 1 2 N 15/00	Z N A A
(C 1 2 P	21/08	A 6 1 K 37/02	
C 1 2 R	1:91)	C 1 2 N 5/00	B

F ターム(参考) 2G045 AA34 AA35 BB01 BB20 BB24
BB51 CB01 CB17 DA36 FB02
FB03 FB05 FB08
4B024 BA44 BA63 CA04 DA02 DA06
DA12 EA04 FA10 GA05 HA14
HA15
4B063 QA01 QA19 QQ43 QR08 QR32
QR42 QR56 QS25 QS34 QX05
4B064 AG27 CA10 CA20 CC24 DA15
4B065 AA26X AA58X AA72X AA90Y
AA91X AA92X AB01 AB05
AC10 BA02 CA24 CA25 CA43
4C084 AA01 AA17 BA44 ZB132
ZB262 ZB352
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10
CA40 DA50 EA50 EA52 FA72
FA74